

19 BUNDESREPUBLIK
DEUTSCHLAND



DEUTSCHES
PATENT- UND
MARKENAMT

274
Offenlegungsschrift
DE 198 16 395 A 1

21 Aktenzeichen: 198 16 395.9
22 Anmeldetag: 3. 4. 98
43 Offenlegungstag: 7. 10. 99

51 Int. Cl.⁶:
C 12 N 15/11
C 07 H 21/04
C 12 N 15/63
C 12 N 1/21
C 12 N 1/19
C 12 N 5/10
C 07 K 16/18
C 07 K 14/435
A 61 K 38/17
// (C12N 1/21, C12R
1:19) G01N 33/68,
33/15

DE 198 16 395 A 1

71 Anmelder:
metaGen Gesellschaft für Genomforschung mbH,
14195 Berlin, DE

72 Erfinder:
Rosenthal, André, Prof., Dr., 10115 Berlin, DE;
Specht, Thomas, Dr., 12163 Berlin, DE; Hinzmann,
Bernd, Dr., 13127 Berlin, DE; Schmitt, Armin, Dr.,
14197 Berlin, DE; Pilarsky, Christian, Dr., 14532
Stahnsdorf, DE; Dahl, Edgar, Dr., 14480 Potsdam,
DE

Die folgenden Angaben sind den vom Anmelder eingereichten Unterlagen entnommen
Der Inhalt dieser Schrift weicht von den am Anmeldetag eingereichten Unterlagen ab

54 Menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Ovar-Normalgewebe

57 Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen
-mRNA, cDNA, genomische Sequenzen aus Ovarnormal-
gewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren,
und deren Verwendung beschrieben.
Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen
Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.

DE .98 16 395 A 1

Beschreibung

Die Erfindung betrifft menschliche Nukleinsäuresequenzen aus normalem Ovargewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, deren funktionale Gene, die mindestens ein biologisch aktives Polypeptid kodieren und deren Verwendung.

Die Erfindung betrifft weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung.

Eine der Hauptkrebstodesursachen bei Frauen ist das Ovarialkarzinom, für dessen Bekämpfung neue Therapien notwendig sind. Bisher verwendete Therapien, wie z. B. Chemotherapie, Hormontherapie oder chirurgische Entfernung des Tumorgewebes, führen häufig nicht zu einer vollständigen Heilung.

Das Phänomen Krebs geht häufig einher mit der Über- oder Unterexpression gewisser Gene in den entarteten Zellen, wobei noch unklar ist, ob diese veränderten Expressionsraten Ursache oder Folge der malignen Transformation sind. Die Identifikation solcher Gene wäre ein wesentlicher Schritt für die Entwicklung neuer Therapien gegen Krebs. Der spontanen Entstehung von Krebs geht häufig eine Vielzahl von Mutationen voraus. Diese können verschiedenste Auswirkungen auf das Expressionsmuster in dem betroffenen Gewebe haben, wie z. B. Unter- oder Überexpression, aber auch Expression verkürzter Gene. Mehrere solcher Veränderungen durch solche Mutationskaskaden können schließlich zu bösartigen Entartungen führen. Die Komplexität solcher Zusammenhänge erschwert die experimentelle Herangehensweise sehr.

Für die Suche nach Kandidatengen, d. h. Genen, die im Vergleich zum Tumorgewebe im normalen Gewebe stärker exprimiert werden, wird eine Datenbank verwendet, die aus sogenannten ESTs besteht. ESTs (Expressed Sequence Tags) sind Sequenzen von cDNAs, d. h. revers transkribierten mRNAs, den Molekülen also, die die Expression von Genen widerspiegeln. Die EST-Sequenzen werden für normale und entartete Gewebe ermittelt. Solche Datenbanken werden von verschiedenen Betreibern z. T. kommerziell angeboten. Die ESTs der LifeSeq-Datenbank, die hier verwendet wird, sind in der Regel zwischen 150 und 350 Nukleotide lang. Sie repräsentieren ein für ein bestimmtes Gen unverkennbares Muster, obwohl dieses Gen normalerweise sehr viel länger ist (> 2000 Nukleotide). Durch Vergleich der Expressionsmuster von normalen und Tumorgewebe können ESTs identifiziert werden, die für die Tumorentstehung und -proliferation wichtig sind. Es besteht jedoch folgendes Problem: Da durch unterschiedliche Konstruktionen der cDNA-Bibliotheken die gefundenen EST-Sequenzen zu unterschiedlichen Regionen eines unbekannten Gens gehören können, ergäbe sich in einem solchen Fall ein völlig falsches Verhältnis des Vorkommens dieser ESTs in dem jeweiligen Gewebe. Dieses würde erst bemerkt werden, wenn das vollständige Gen bekannt ist und somit die ESTs dem gleichen Gen zugeordnet werden können.

Es wurde nun gefunden, daß diese Fehlermöglichkeit verringert werden kann, wenn zuvor sämtliche ESTs aus dem jeweiligen Gewebstyp assembliert werden, bevor die Expressionsmuster miteinander verglichen werden. Es wurden also überlappende ESTs ein und desselben Gens zu längeren Sequenzen zusammengefaßt (s. Fig. 1, Fig. 2a und Fig. 3). Durch diese Verlängerung und damit Abdeckung eines wesentlich größeren Genbereichs in jeder der jeweiligen Banken sollte der oben beschriebene Fehler weitgehend vermieden werden. Da es hierzu keine bestehenden Softwareprodukte gab, wurden Programme für das Assemblieren von genomischen Abschnitten verwendet, die abgewandelt eingesetzt und durch eigene Programme ergänzt wurden. Ein Flowchart der Assemblierungsprozedur ist in Fig. 2b1-2b4 dargestellt.

Es konnten nun die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 103 gefunden werden, die als Kandidatengene beim Ovarialkarzinom eine Rolle spielen.

Von besonderem Interesse sind die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID Nos. 1-45.

Die Erfindung betrifft somit Nukleinsäure-Sequenzen, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodieren, umfassend

- a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe der Nukleinsäure-Sequenzen Seq ID Nos. 1-45.
- b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen oder
- c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

Die Erfindung betrifft weiterhin eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq ID Nos. 1-45 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon und die Nukleinsäure-Sequenzen davon, die eine 90%ige bis 95%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweisen.

Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 103, die im Ovarnormalgewebe erhöht exprimiert sind.

Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, umfassend einen Teil der oben genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen Seq. ID Nos. 1-45 hybridisieren.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen weisen im allgemeinen eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp, vorzugsweise eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp, insbesondere eine Länge von 450 bis 3500 bp auf.

Mit den erfindungsgemäßen Teilsequenzen Seq. ID Nos. 1-45 können gemäß gängiger Verfahrenspraxis auch Expressionskassetten konstruiert werden, wobei auf der Kassette mindestens eine der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen zusammen mit mindestens einer dem Fachmann allgemein bekannten Kontroll- oder regulatorischen Sequenz, wie z. B. einem geeigneten Promotor, kombiniert wird. Die erfindungsgemäßen Sequenzen können in sense oder antisense Orientierung eingefügt sein.

In der Literatur sind ist eine große Anzahl von Expressionskassetten bzw. Vektoren und Promotoren bekannt, die verwendet werden können.

Unter Expressionskassetten bzw. Vektoren sind zu verstehen: 1. bakterielle, wie z. B. phagescript, pBs, ϕ X174, pBluescript SK, pBs KS, pNH8a, pNH16a, pNH18a, pNH46a (Stratagene), pTrc99A, pKK223-3, pKK233-3, pDR540, pRIT5 (Pharmacia), 2. eukaryontische, wie z. B. pWLneo, pSV2cat, pOG44, pXT1, pSG (Stratagene), pSVK3, pBPV, pMSG, pSVL (Pharmacia).

Unter Kontroll- oder regulatorischer Sequenz sind geeignete Promotoren zu verstehen. Hierbei sind zwei bevorzugte

Vektoren der pKK232-8 und der PCM7 Vektor. Im einzelnen sind folgende Promotoren gemeint: lacI, lacZ, T3, T7, gpt, lambda P_R, trc, CMV, HSV Thymidin-Kinase, SV40, LTRs aus Retrovirus und Maus Metallothionein-I.

Die auf der Expressionskassette befindlichen DNA-Sequenzen können ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

Die Expressionskassetten sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Fragmente können zur Herstellung von Vollängen-Genen verwendet werden. Die erhältlichen Gene sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, sowie die aus der Verwendung erhältlichen Gen-Fragmente.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können mit geeigneten Vektoren in Wirtszellen gebracht werden, in denen als heterologer Teil die auf den Nukleinsäure-Fragmenten enthaltene genetischen Information befindet, die exprimiert wird.

Die die Nukleinsäure-Fragmente enthaltenden Wirtszellen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Geeignete Wirtszellen sind z. B. prokaryontische Zellsysteme wie E. coli oder eukaryontische Zellsysteme wie tierische oder humane Zellen oder Hefen.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können in sense oder antisense Form verwendet werden.

Die Herstellung der Polypeptide oder deren Fragment erfolgt durch Kultivierung der Wirtszellen gemäß gängiger Kultivierungsmethoden und anschließender Isolierung und Aufreinigung der Peptide bzw. Fragmente, ebenfalls mittels gängiger Verfahren. Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodieren.

Ferner betrifft die vorliegende Erfindung Polypeptid-Teilsequenzen, sogenannte ORF (open-reading-frame)-Peptide, gemäß den Sequenzprotokollen ORF ID Nos. 104-217.

Die Erfindung betrifft ferner die Polypeptid-Sequenzen, die mindestens eine 80%ige Homologie, insbesondere eine 90%ige Homologie zu den erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen der ORF. ID Nos. 104-217 aufweisen.

Die Erfindung betrifft auch Antikörper, die gegen ein Polypeptid oder Fragment davon gerichtet sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID 103 kodiert werden.

Unter Antikörper sind insbesondere monoklonale Antikörper zu verstehen.

Die erfindungsgemäßen Polypeptide der Sequenzen ORF ID Nos. 104-217 können auch als Tool zum Auffinden von Wirkstoffen gegen das Ovarialkarzinom verwendet werden, was ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist.

Ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 103 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen das Ovarialkarzinom verwendet werden können.

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der gefundenen Polypeptid-Teilsequenzen ORF. ID No. 104 bis Seq. ID No. 217 als Arzneimittel in der Genterapie zur Behandlung gegen das Ovarialkarzinom, bzw. zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen das Ovarialkarzinom.

Die Erfindung betrifft auch Arzneimittel, die mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz ORF. ID No. 104 bis 217 enthalten.

Die gefundenen erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch genomische oder mRNA-Sequenzen sein.

Die Erfindung betrifft auch genomische Gene, ihre Exon- und Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 103, sowie deren Verwendung zusammen mit geeigneten regulativen Elementen, wie geeigneten Promotoren und/oder Enhancern.

Mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren (cDNA-Sequenzen) werden genomische BAC-, PAC- und Cosmid-Bibliotheken gescreent und über komplementäre Basenpaarung (Hybridisierung) spezifisch humane Klone isoliert. Die so isolierten BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden mit Hilfe der Fluoreszenz-in-situ-Hybridisation auf Metaphasenchromosomen hybridisiert und entsprechende Chromosomenabschnitte identifiziert, auf denen die entsprechenden genomischen Gene liegen. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden sequenziert, um die entsprechenden genomischen Gene in ihrer vollständigen Struktur (Promotoren, Enhancer, Silencer, Exons und Introns) aufzuklären. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone können als eigenständige Moleküle für den Gentransfer eingesetzt werden (s. Fig. 5).

Die Erfindung betrifft auch BAC-, PAC- und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 1 bis Seq. ID No. 103, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.

Die Erfindung betrifft: Weiterhin eine Nukleinsäuresequenz gemäß einer der Sequenzen Seq ID Nos. 1, 2, 4, 8, 9, 21, 24, 26, 29, 30, 31, 36, 40, 42, 51, 53, 60, 68, 72, 73, 75, 78, 80, 81, 82, 87, 89, und 100, dadurch gekennzeichnet, daß sie in Ovarnormalgewebe und gleichzeitig in Pankreastumorgewebe erhöht exprimiert sind.

Die Erfindung betrifft weiterhin eine Nukleinsäuresequenz gemäß einer der Sequenzen Seq ID Nos. 5, 46, 49, 56, 61 und 77, dadurch gekennzeichnet, daß sie in Ovarnormalgewebe und gleichzeitig in Penistumorgewebe erhöht exprimiert sind.

Die Erfindung betrifft weiterhin eine Nukleinsäuresequenz Sequenz Seq ID No. 44, dadurch gekennzeichnet, daß sie im Ovarnormalgewebe und gleichzeitig in Nierentumorgewebe erhöht exprimiert sind.

Bedeutungen von Fachbegriffen und Abkürzungen

Nukleinsäuren = Unter Nukleinsäuren sind in der vorliegenden Erfindung zu verstehen: mRNA, partielle cDNA, vollständige cDNA und genomische Gene (Chromosomen).

ORF = Open Reading Frame, eine definierte Abfolge von Aminosäuren die von der cDNA-Sequenz abgeleitet werden kann.

Contig = Eine Menge von DNA-Sequenzen, die aufgrund sehr großer Ähnlichkeiten zu einer Sequenz zusammengefaßt werden können (Consensus).

Singleton = Ein Contig, der nur eine Sequenz enthält.

Erklärung zu den Alignmentparametern

- 5 minimal initial match = minimaler anfänglicher Identitätsbereich
- maximum pads per read = maximale Anzahl von Insertionen
- maximum percent mismatch = maximale Abweichung in %

Erklärung der Abbildungen

- 10 Fig. 1 zeigt die systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank.
- Fig. 2a zeigt das Prinzip der EST-Assemblierung.
- Fig. 2b1-2b4 zeigt das gesamte Prinzip der EST-Assemblierung.
- Fig. 3 zeigt die in silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben.
- 15 Fig. 4a zeigt die Bestimmung der gewebsspezifischen Expression über elektronischen Northern.
- Fig. 4b zeigt den elektronischen Northern.
- Fig. 5 zeigt die Isolierung von genomischen BAC- und PAC-Klonen.
- Die nachfolgenden Beispiele erläutern die Herstellung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, ohne die Erfindung auf diese Beispiele und Nukleinsäure-Sequenzen zu beschränken.

Beispiel 1

Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengen

- 25 Zuerst wurden sämtliche ESTs des entsprechenden Gewebes aus der LifeSeq-Datenbank (vom Oktober 1997) extrahiert. Diese wurden dann mittels des Programms GAP4 des Staden-Pakets mit den Parametern 0% mismatch, 8 pads per read und einem minimalen match von 20 assembliert. Die nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen (Fails) wurden erst bei 1% mismatch und dann nochmals bei 2% mismatch mit der Datenbank assembliert. Aus den Contigs der Datenbank, die aus mehr als einer Sequenz bestanden, wurden Consensussequenzen errechnet. Die Singletons
- 30 der Datenbank, die nur aus einer Sequenz bestanden, wurden mit den nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen bei 2% mismatch erneut assembliert. Wiederum wurden für die Contigs die Consensussequenzen ermittelt. Alle übrigen ESTs wurden bei 4% mismatch erneut assembliert. Die Consensussequenzen wurden abermals extrahiert und mit den vorherigen Consensussequenzen sowie den Singletons und den nicht in die Datenbank aufgenommenen Sequenzen abschließend bei 4% mismatch assembliert. Die Consensussequenzen wurden gebildet und mit den Singletons und
- 35 Fails als Ausgangsbasis für die Gewebsvergleiche verwendet. Durch diese Prozedur konnte sichergestellt werden, daß unter den verwendeten Parametern sämtliche Sequenzen von einander unabhängige Genbereiche darstellten.

Fig. 2b1-2b4 veranschaulicht die Verlängerung der Ovarnormalgewebe ESTs.

- Die so assemblierten Sequenzen der jeweiligen Gewebe wurden anschließend mittels des gleichen Programms miteinander verglichen (Fig. 3). Hierzu wurden erst alle Sequenzen des ersten Gewebes in die Datenbank eingegeben. (Daher
- 40 war es wichtig, daß diese voneinander unabhängig waren.)

Dann wurden alle Sequenzen des zweiten Gewebes mit allen des ersten verglichen. Das Ergebnis waren Sequenzen, die für das erste bzw. das zweite Gewebe spezifisch waren, sowie welche, die in beiden vorkamen. Bei Letzteren wurde das Verhältnis der Häufigkeit des Vorkommens in den jeweiligen Geweben ausgewertet. Sämtliche, die Auswertung der assemblierten Sequenzen betreffenden Programme, wurden selbst entwickelt.

- 45 Alle Sequenzen, die mehr als viermal in jeweils einem der verglichenen Gewebe vorkamen, sowie alle, die mindestens fünfmal so häufig in einem der beiden Gewebe vorkamen wurden weiter untersucht. Diese Sequenzen wurden einem elektronischen Northern (s. Beispiel 2.1) unterzogen, wodurch die Verteilung in sämtlichen Tumor- und Normal-Geweben untersucht wurde (s. Fig. 4a und Fig. 4b). Die relevanten Kandidaten wurden dann mit Hilfe sämtlicher Incyte ESTs und allen ESTs öffentlicher Datenbanken verlängert (s. Beispiel 3). Anschließend wurden die Sequenzen und ihre Übersetzung in mögliche Proteine mit allen Nukleotid- und Proteindatenbanken verglichen, sowie auf mögliche, für Proteine
- 50 kodierende Regionen untersucht.

Beispiel 2

- 55 Algorithmus zur Identifikation und Verlängerung von partiellen cDNA-Sequenzen mit verändertem Expressionsmuster

Im folgenden soll ein Algorithmus zur Auffindung über- oder unterexprimierter Gene erläutert werden. Die einzelnen Schritte sind der besseren Übersicht halber auch in einem Flußdiagramm zusammengefaßt (s. Fig. 4b).

2.1 Elektronischer Northern-Blot

- Zu einer partiellen DNA-Sequenz S, z. B. einem einzelnen EST oder einem Contig von ESTs, werden mittels eines Standardprogramms zur Homologiesuche, z. B. BLAST (Altschul, S. F., Gish W., Miller, W., Myers, E. W. und Lipman, D. J. (1990) J. Mol. Biol., 215, 403-410), BLAST2 (Altschul, S. F., Madden, T. L., Schäffer, A. A., Zhang, J., Zhang, Z.,
- 65 Miller, W. und Lipman, D. J. (1997) Nucleic Acids Research 25 3389-3402) oder FASTA (Pearson, W. R. und Lipman, D. J. (1988) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 85 2444-2448), die homologen Sequenzen in verschiedenen nach Geweben geordneten (privaten oder öffentlichen) EST-Bibliotheken bestimmt. Die dadurch ermittelten (relativen oder absoluten) Gewebespezifischen Vorkommenshäufigkeiten dieser Partial-Sequenz S werden als elektronischer Northern-Blot



bezeichnet.

2.1.1

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. .90 gefunden, die .9,2 .x stärker
im normalen Ovargewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

Das Ergebnis ist wie folgt:

5

10

15

20

25

30

35

40

45

50

55

60

65

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 90

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N
5	Blase	0.0156	0.0000 undef 0.0000
	Brust	0.0166	0.0056 2.94900.3391
	Duennndarm	0.0061	0.0165 0.37072.6973
	Eierstock	0.0240	0.0026 9.21010.1086
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0125 0.27173.6805
	Gastrointestinal	0.0038	0.0000 undef 0.0000
10	Gehirn	0.0044	0.0123 0.36002.7779
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000 undef 0.0000
	Haut	0.0037	0.0000 undef 0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000 undef undef
	Herz	0.0011	0.0137 0.077112.9706
15	Hoden	0.0230	0.0000 undef 0.0000
	Lunge	0.0010	0.0000 undef 0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000 undef 0.0000
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060 0.28563.5020
	Niere	0.0136	0.0000 undef 0.0000
20	Pankreas	0.0000	0.0000 undef undef
	Penis	0.0090	0.0267 0.33692.9678
	Prostata	0.0044	0.0106 0.40952.4423
	Uterus_Endometrium	0.0473	0.0000 undef 0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068 1.12230.8911
	Uterus_allgemein	0.0611	0.0000 undef 0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0128	
	Prostata-Hyperplasie	0.0030	
	Samenblase	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	
30	Zervix	0.0000	

	FOETUS
	%Haeufigkeit
35	Entwicklung
	Gastrointestinal
	Gehirn
	Haematopoetisch
	Haut
	Hepatisch
40	Herz-Blutgefuesse
	Lunge
	Nebenniere
	Niere
	Placenta
	Prostata
45	Sinnesorgane

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
50	Brust
	Eierstock_n
	Eierstock_t
	Endokrines_Gewebe
	Foetal
55	Gastrointestinal
	Haematopoetisch
	Haut-Muskel
	Hoden
	Lunge
	Nerven
60	Prostata
	Sinnesorgane
	Uterus_n

65

2.1.2

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 3 gefunden die 10,3...x stärker im normalen Ovargewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 3

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0117	0.0153	0.76271.3111	5
Brust	0.0153	0.0056	2.72210.3674	10
Duennndarm	0.0153	0.0000	undef 0.0000	
Eierstock	0.0270	0.0026	10.3613 0.0965	
Endokrines_Gewebe	0.0170	0.0000	undef 0.0000	
Gastrointestinal	0.0115	0.0000	undef 0.0000	
Gehirn	0.0052	0.0062	0.84001.1905	15
Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0110	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0143	0.0000	undef 0.0000	
Herz	0.0159	0.0000	undef 0.0000	
Hoden	0.0115	0.0117	0.98391.0163	20
Lunge	0.0114	0.0184	0.62091.6105	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000undef	
Muskel-Skelett	0.0120	0.0000	undef 0.0000	
Niere	0.0244	0.0205	1.18960.8406	
Pankreas	0.0116	0.0000	undef 0.0000	25
Penis	0.0120	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0044	0.0106	0.40952.4423	
Uterus_Endometrium	0.0405	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0204	0.37412.6732	
Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef 0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0064			30
Prostata-Hyperplasie	0.0238			
Samenblase	0.0178			
Sinnesorgane	0.0235			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0069			
Zervix	0.0000			35
FOETUS				
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			40
Gastrointestinal	0.0111			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0039			
Haut	0.0000			
Hepatisch	0.0000			
Herz-Blutgefasse	0.0178			45
Lunge	0.0036			
Nebenniere	0.0254			
Niere	0.0124			
Placenta	0.0000			
Prostata	0.0000			50
Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0000			55
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0101			
Endokrines_Gewebe	0.0245			
Foetal	0.0087			
Gastrointestinal	0.0122			60
Haematopoetisch	0.0057			
Haut-Muskel	0.0292			
Hoden	0.0077			
Lunge	0.0082			
Nerven	0.0050			
Prostata	0.0137			65
Sinnesorgane	0.0000			
Uterus_n	0.0250			

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 20 gefunden, die 15. x stärker im normalen Ovargewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

5 Das Ergebnis ist wie folgt:

10

15

20

25

30

35

40

45

50

55

60

65

Ø
Ø
Ø
Ø

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0000	0.0051	0.0000 undef	5
Brust	0.0102	0.0094	1.0888 0.9184	
Duennndarm	0.0031	0.0000	undef 0.0000	10
Eierstock	0.0270	0.0130	2.0723 0.4826	
Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0100	0.8491 1.1778	
Gastrointestinal	0.0057	0.0046	1.2425 0.8048	
Gehirn	0.0074	0.0072	1.0285 0.9723	
Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef 0.0000	15
Haut	0.0000	0.0000	undef undef	
Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000 undef	
Herz	0.0021	0.0000	undef 0.0000	
Hoden	0.0058	0.0000	undef 0.0000	
Lunge	0.0073	0.0041	1.7781 0.5624	
Magen-Speiserohre	0.0097	0.0077	1.2605 0.7933	20
Muskel-Skelett	0.0034	0.0120	0.2856 3.5020	
Niere	0.0000	0.0000	undef undef	
Pankreas	0.0033	0.0000	undef 0.0000	
Penis	0.0030	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0109	0.0277	0.3937 2.5400	
Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef 0.0000	25
Uterus_Myometrium	0.0152	0.0204	0.7482 1.3366	
Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef 0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0064			
Prostata-Hyperplasie	0.0208			
Samenblase	0.0000			30
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
Zervix	0.0106			
FOETUS				35
%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0139			
Gastrointestinal	0.0111			
Gehirn	0.0125			
Haematopoetisch	0.0157			40
Haut	0.0000			
Hepatisch	0.0000			
Herz-Blutgefasse	0.0036			
Lunge	0.0217			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0062			45
Placenta	0.0121			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				50
%Haeufigkeit				
Brust	0.0000			
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0405			
Endokrines_Gewebe	0.0000			55
Foetal	0.0181			
Gastrointestinal	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0000			
Hoden	0.0154			
Lunge	0.0000			60
Nerven	0.0100			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Uterus_n	0.0208			

In analoger Verfahrensweise wurden auch folgende Northern gefunden:

65

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 1

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0102	1.9068	0.5244
	Brust	0.0064	0.0150	0.4253	2.3511
	Duenn darm	0.0092	0.0331	0.2781	3.5964
	Eierstock	0.0240	0.0078	3.0700	0.3257
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0075	0.9057	1.1042
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0074	0.0062	1.1999	0.8334
	Haematopoetisch	0.0120	0.0379	0.3176	3.1487
	Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0117	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0042	0.0102	0.4064	2.4605
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0137	0.0060	2.2844	0.4378
20	Niere	0.0190	0.0068	2.7756	0.3603
	Pankreas	0.0000	0.0110	0.0000	undef
	Penis	0.0180	0.0533	0.3369	2.9678
	Prostata	0.0174	0.0170	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0235			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0069			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0278
	Gastrointestinal	0.0222
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0079
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0145
	Nebenniere	0.0507
45	Niere	0.0062
	Placenta	0.0121
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0377

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0051
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0070
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0097
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0050
	Prostata	0.0274
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0102	0.0000	undef	5
Brust	0.0038	0.0019	2.0416	0.4898	
Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000	10
Eierstock	0.0120	0.0052	2.3025	0.4343	
Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0075	0.9057	1.1042	
Gastrointestinal	0.0096	0.0139	0.6903	1.4487	
Gehirn	0.0052	0.0010	5.0397	0.1984	15
Haematopoetisch	0.0040	0.0379	0.1059	9.4460	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0032	0.0137	0.2313	4.3235	
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef	20
Lunge	0.0062	0.0000	undef	0.0000	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef	
Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000	
Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef	
Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000	25
Prostata	0.0153	0.0106	1.4331	0.6978	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0032				30
Prostata-Hyperplasie	0.0059				
Samenblase	0.0089				
Sinnesorgane	0.0118				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0113				
Zervix	0.0000				35
FOETUS					
%Haeufigkeit					
Entwicklung	0.0000				40
Gastrointestinal	0.0083				
Gehirn	0.0063				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0036				45
Lunge	0.0036				
Nebenniere	0.0254				
Niere	0.0309				
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				50
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
%Haeufigkeit					
Brust	0.0000				55
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0203				
Endokrines_Gewebe	0.0245				
Foetal	0.0012				
Gastrointestinal	0.0000				60
Haematopoetisch	0.0057				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0040				65
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 3

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0117	0.0153	0.7627	1.3111
	Brust	0.0153	0.0056	2.7221	0.3674
10	Duennndarm	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0270	0.0026	10.3613	0.0965
	Endokrines_Gewebe	0.0170	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0052	0.0062	0.8400	1.1905
15	Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0143	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0159	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0117	0.9839	1.0163
20	Lunge	0.0114	0.0184	0.6209	1.6105
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0244	0.0205	1.1896	0.8406
	Pankreas	0.0116	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
25	Prostata	0.0044	0.0106	0.4095	2.4423
	Uterus_Endometrium	0.0405	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0204	0.3741	2.6732
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
30	Prostata-Hyperplasie	0.0238			
	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0069			
	Zervix	0.0000			

35		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000	
40	Gastrointestinal	0.0111	
	Gehirn	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0039	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0178	
45	Lunge	0.0036	
	Nebenniere	0.0254	
	Niere	0.0124	
	Placenta	0.0000	
	Prostata	0.0000	
50	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
55	Brust	0.0000	
	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0101	
	Endokrines_Gewebe	0.0245	
	Foetal	0.0087	
60	Gastrointestinal	0.0122	
	Haematopoetisch	0.0057	
	Haut-Muskel	0.0292	
	Hoden	0.0077	
	Lunge	0.0082	
	Nerven	0.0050	
65	Prostata	0.0137	
	Sinnesorgane	0.0000	
	Uterus_n	0.0250	

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0078	0.0000	undef	0.0000	
Brust	0.0153	0.0038	4.0832	0.2449	
Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000	10
Eierstock	0.0210	0.0052	4.0294	0.2482	
Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0050	1.0189	0.9815	
Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000	
Gehirn	0.0052	0.0205	0.2520	3.9685	
Haematopoetisch	0.0120	0.0000	undef	0.0000	15
Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0095	0.0000	undef	0.0000	
Herz	0.0159	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0114	0.0020	5.5884	0.1789	20
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0188	0.0300	0.6282	1.5918	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0017	0.0110	0.1496	6.6857	
Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000	25
Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0128				30
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0130				
Zervix	0.0000				35
FOETUS					
%Haeufigkeit					
Entwicklung	0.0417				
Gastrointestinal	0.0139				40
Gehirn	0.0125				
Haematopoetisch	0.0039				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0107				45
Lunge	0.0036				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				50
Sinnesorgane	0.0377				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
%Haeufigkeit					
Brust	0.0136				55
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0140				
Gastrointestinal	0.0000				60
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0065				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0082				
Nerven	0.0070				65
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0115	0.0075	1.5312	0.6531
10	Duennndarm	0.0000	0.0331	0.0000	undef
	Eierstock	0.0240	0.0026	9.2101	0.1086
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0081	0.0000	undef	0.0000
15	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0095	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0073	0.0041	1.7781	0.5624
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0267	0.1123	8.9035
25	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
30	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
35	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
40	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0260
45	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0061
50	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTZ BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0354
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0111
60	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0342
	Haut-Muskel	0.0065
	Hoden	0.0231
	Lunge	0.0082
65	Nerven	0.0080
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0102	0.0000	undef	5
Brust	0.0026	0.0019	1.3611	0.7347	
Duendarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0120	0.0000	undef	0.0000	10
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gehirn	0.0089	0.0031	2.8798	0.3472	
Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0073	0.1695	0.0433	23.0839	15
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef	20
Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef	
Niere	0.0081	0.0000	undef	0.0000	
Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0065	0.0000	undef	0.0000	25
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				30
Samenblase	0.0089				
Sinnesorgane	0.0118				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0043				
Zervix	0.0000				35
FOETUS					
%Haeufigkeit					
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				40
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0039				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0036				45
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				50
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
%Haeufigkeit					
Brust	0.0000				55
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0245				
Foetal	0.0082				
Gastrointestinal	0.0000				60
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0032				
Hoden	0.0231				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0070				
Prostata	0.0000				65
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0250				

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5		Blase 0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
		Brust 0.0038	0.0038	1.0208	0.9796
10		Duenn darm 0.0215	0.0000	undef	0.0000
		Eierstock 0.0210	0.0026	8.0588	0.1241
		Endokrines_Gewebe 0.0051	0.0050	1.0189	0.9815
		Gastrointestinal 0.0057	0.0000	undef	0.0000
		Gehirn 0.0037	0.0041	0.8999	1.1112
		Haematopoetisch 0.0067	0.0379	0.1764	5.6676
15		Haut 0.0110	0.0000	undef	0.0000
		Hepatisch 0.0048	0.0000	undef	0.0000
		Herz 0.0032	0.0000	undef	0.0000
		Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
		Lunge 0.0073	0.0041	1.7781	0.5624
20		Magen-Speiserohre 0.0097	0.0077	1.2605	0.7933
		Muskel-Skelett 0.0086	0.0060	1.4278	0.7004
		Niere 0.0054	0.0000	undef	0.0000
		Pankreas 0.0050	0.0000	undef	0.0000
		Penis 0.0030	0.0000	undef	0.0000
25		Prostata 0.0065	0.0043	1.5354	0.6513
		Uterus_Endometrium 0.0068	0.0000	undef	0.0000
		Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
		Uterus_allgemein 0.0153	0.0000	undef	0.0000
		Brust-Hyperplasie 0.0064			
30		Prostata-Hyperplasie 0.0059			
		Samenblase 0.0089			
		Sinnesorgane 0.0000			
		Weisse_Blutkoerperchen 0.0017			
		Zervix 0.0000			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
		Entwicklung 0.0000			
40		Gastrointestinal 0.0028			
		Gehirn 0.0000			
		Haematopoetisch 0.0118			
		Haut 0.0000			
		Hepatisch 0.0260			
		Herz-Blutgefuesse 0.0107			
45		Lunge 0.0108			
		Nebenniere 0.0000			
		Niere 0.0062			
		Placenta 0.0061			
		Prostata 0.0000			
50		Sinnesorgane 0.0251			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55		Brust 0.0000			
		Eierstock_n 0.0000			
		Eierstock_t 0.0101			
		Endokrines_Gewebe 0.0000			
		Foetal 0.0082			
60		Gastrointestinal 0.0244			
		Haematopoetisch 0.0057			
		Haut-Muskel 0.0130			
		Hoden 0.0000			
		Lunge 0.0164			
		Nerven 0.0070			
65		Prostata 0.0000			
		Sinnesorgane 0.0310			
		Uterus_n 0.0042			

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0000	0.0026	0.0000 undef	5
Brust	0.0064	0.0000	undef 0.0000	
Duennndarm	0.0031	0.0000	undef 0.0000	
Eierstock	0.0120	0.0000	undef 0.0000	10
Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0075	0.4528 2.2083	
Gastrointestinal	0.0096	0.0000	undef 0.0000	
Gehirn	0.0067	0.0123	0.5400 1.8520	
Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0037	0.0000	undef 0.0000	15
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef	
Herz	0.0021	0.0000	undef 0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef undef	
Lunge	0.0052	0.0000	undef 0.0000	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef	20
Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef 0.0000	
Niere	0.0081	0.0000	undef 0.0000	
Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000 undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef undef	
Prostata	0.0065	0.0128	0.5118 1.9538	25
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef undef	
Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef 0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.0089			30
Samenblase	0.0178			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
Zervix	0.0000			35
FOETUS				
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			
Gastrointestinal	0.0028			40
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut	0.0000			
Hepatisch	0.0000			
Herz-Blutgefuesse	0.0036			
Lunge	0.0000			45
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0000			
Placenta	0.0000			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			50
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0000			55
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0101			
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0023			
Gastrointestinal	0.0122			60
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0000			
Hoden	0.0077			
Lunge	0.0000			
Nerven	0.0110			
Prostata	0.0137			65
Sinnesorgane	0.0000			
Uterus_n	0.0125			

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
5		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0078	0.0051	1.5254	0.6555
	Brust	0.0090	0.0019	4.7637	0.2099
	Duennndarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0050	1.0189	0.9815
	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0163	0.0154	1.0559	0.9470
	Haematopoetisch	0.0120	0.0379	0.3176	3.1487
15	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0042	0.0000	undef	0.0000
20	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0055	0.2991	3.3428
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
25	Prostata	0.0087	0.0043	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0528	0.1280	7.8106
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
30	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			
	Zervix	0.0000			
35					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0278			
40	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0250			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0126			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0354			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0076			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0228			
	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0331			
65	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0000			

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0000	undef	undef	5
Brust	0.0026	0.0038	0.6805	1.4694	
Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0180	0.0000	undef	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gastrointestinal	0.0057	0.0046	1.2425	0.8048	
Gehirn	0.0067	0.0041	1.6199	0.6173	
Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000	15
Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0042	0.0061	0.6774	1.4763	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef	
Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000	20
Niere	0.0027	0.0137	0.1983	5.0439	
Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				30
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0035				
Zervix	0.0000				
FOETUS					35
%Haeufigkeit					
Entwicklung	0.0278				
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				40
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0071				
Lunge	0.0036				
Nebenniere	0.0254				45
Niere	0.0000				
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				50
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
%Haeufigkeit					
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				55
Eierstock_t	0.0051				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0023				
Gastrointestinal	0.0122				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0032				60
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0082				
Nerven	0.0010				
Prostata	0.0068				
Sinnesorgane	0.0000				65
Uterus_n	0.0000				

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5		Blase 0.0039	0.0077	0.5085	1.9666
		Brust 0.0128	0.0132	0.9722	1.0286
		Duennndarm 0.0123	0.0165	0.7415	1.3487
		Eierstock 0.0210	0.0078	2.6863	0.3723
10	Endokrines_Gewebe	0.0153	0.0125	1.2226	0.8179
	Gastrointestinal	0.0115	0.0231	0.4970	2.0121
	Gehirn	0.0266	0.0246	1.0799	0.9260
	Haematopoetisch	0.0174	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
	Herz	0.0191	0.0412	0.4626	2.1618
	Hoden	0.0058	0.0351	0.1640	6.0979
	Lunge	0.0083	0.0061	1.3548	0.7381
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0307	0.3151	3.1733
20	Muskel-Skelett	0.0086	0.0060	1.4278	0.7004
	Niere	0.0163	0.0205	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0116	0.0331	0.3490	2.8653
	Penis	0.0150	0.0267	0.5616	1.7807
	Prostata	0.0305	0.0341	0.8957	1.1165
25	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0340	0.2245	4.4553
	Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
30	Samenblase	0.0267			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0069			
	Zervix	0.0213			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0167			
	Gehirn	0.0751			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0289			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0247			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0612			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0911			
	Endokrines_Gewebe	0.0735			
	Foetal	0.0437			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0171			
	Haut-Muskel	0.0680			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0432			
	Prostata	0.0479			
65	Sinnesorgane	0.0387			
	Uterus_n	0.0250			

□

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0390	0.0204	1.9068	0.5244	5
Brust	0.0895	0.0357	2.5072	0.3988	
Duenn darm	0.0429	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0449	0.0130	3.4538	0.2895	
Endokrines_Gewebe	0.0221	0.0201	1.1038	0.9060	
Gastrointestinal	0.0402	0.0093	4.3488	0.2299	10
Gehirn	0.0296	0.0298	0.9930	1.0070	
Haematopoetisch	0.0201	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0404	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0048	0.0259	0.1838	5.4400	
Herz	0.0329	0.0275	1.1950	0.8368	15
Hoden	0.0115	0.0117	0.9839	1.0163	
Lunge	0.0239	0.0041	5.8424	0.1712	
Magen-Speiserohre	0.0387	0.0537	0.7203	1.3883	
Muskel-Skelett	0.0463	0.0120	3.8549	0.2594	
Niere	0.0081	0.0068	1.1896	0.8406	20
Pankreas	0.0116	0.0166	0.6980	1.4326	
Penis	0.0958	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0392	0.0149	2.6322	0.3799	
Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0762	0.0204	3.7409	0.2673	25
Uterus_allgemein	0.0560	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0384				
Prostata-Hyperplasie	0.0238				
Samenblase	0.0089				
Sinnesorgane	0.0470				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0078				
Zervix	0.0532				
	FOETUS				35
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0194				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0236				40
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0107				
Lunge	0.0072				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0247				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0249				
Sinnesorgane	0.0251				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				50
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0204				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0253				55
Endokrines_Gewebe	0.0245				
Foetal	0.0122				
Gastrointestinal	0.0488				
Haematopoetisch	0.0057				
Haut-Muskel	0.0130				60
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0151				
Prostata	0.0342				
Sinnesorgane	0.0155				
Uterus_n	0.0042				65

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0468	0.0230	2.0339	0.4917
	Brust	0.0972	0.0526	1.8471	0.5414
	Duennndarm	0.0307	0.0331	0.9268	1.0789
	Eierstock	0.1198	0.0156	7.6750	0.1303
	Endokrines_Gewebe	0.0324	0.0125	2.5811	0.3874
10	Gastrointestinal	0.0441	0.0324	1.3608	0.7348
	Gehirn	0.0229	0.0185	1.2399	0.8065
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0404	0.0847	0.4765	2.0985
	Hepatisch	0.0428	0.0065	6.6177	0.1511
15	Herz	0.0276	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0288	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0457	0.0184	2.4837	0.4026
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0307	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.0685	0.0720	0.9518	1.0506
20	Niere	0.0516	0.0068	7.5339	0.1327
	Pankreas	0.0083	0.0055	1.4957	0.6686
	Penis	0.0599	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0240	0.0192	1.2511	0.7993
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0915	0.0340	2.6934	0.3713
25	Uterus_allgemein	0.1579	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0863			
	Prostata-Hyperplasie	0.0386			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0745			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0557
	Gastrointestinal	0.0222
	Gehirn	0.0125
	Haematopoetisch	0.0118
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0289
	Nebenniere	0.0507
45	Niere	0.0124
	Placenta	0.0364
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0377

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0272
	Eierstock_n	0.4785
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0490
	Foetal	0.0419
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0227
60	Hoden	0.0154
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0110
	Prostata	0.0137
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0125

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0234	0.0179	1.3075	0.7648	5
Brust	0.0397	0.0094	4.2193	0.2370	
Duennndarm	0.0153	0.0331	0.4634	2.1579	
Eierstock	0.0509	0.0130	3.9143	0.2555	
Endokrines_Gewebe	0.0426	0.0226	1.8868	0.5300	
Gastrointestinal	0.0460	0.0185	2.4850	0.4024	10
Gehirn	0.0111	0.0185	0.6000	1.6668	
Haematopoetisch	0.0174	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0330	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef	
Herz	0.0085	0.0275	0.3084	3.2426	15
Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0322	0.0123	2.6248	0.3810	
Magen-Speiserohre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933	
Muskel-Skelett	0.0240	0.0240	0.9994	1.0006	
Niere	0.0217	0.0205	1.0574	0.9457	20
Pankreas	0.0215	0.0110	1.9445	0.5143	
Penis	0.0299	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0044	0.0043	1.0236	0.9769	
Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911	25
Uterus_allgemein	0.0866	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0256				
Prostata-Hyperplasie	0.0089				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0182				
Zervix	0.0106				
					35
					40
					45
					50
					55
					60
					65

FOETUS

%Haeufigkeit

Entwicklung	0.0000
Gastrointestinal	0.0139
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0118
Haut	0.0000
Hepatisch	0.0000
Herz-Blutgefuesse	0.0213
Lunge	0.0397
Nebenniere	0.0254
Niere	0.0124
Placenta	0.0242
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0126

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

%Haeufigkeit

Brust	0.0136
Eierstock_n	0.1595
Eierstock_t	0.0101
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0093
Gastrointestinal	0.0244
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0130
Hoden	0.0000
Lunge	0.0000
Nerven	0.0040
Prostata	0.0137
Sinnesorgane	0.0000
Uterus_n	0.0250

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 15

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5		Blase 0.0078	0.0102	0.7627	1.3111
		Brust 0.0333	0.0056	5.8979	0.1696
10		Duennndarm 0.0061	0.0000	undef	0.0000
		Eierstock 0.0509	0.0182	2.7959	0.3577
		Endokrines_Gewebe 0.0221	0.0301	0.7359	1.3590
		Gastrointestinal 0.0326	0.0185	1.7602	0.5681
15		Gehirn 0.0096	0.0092	1.0399	0.9616
		Haematopoetisch 0.0187	0.0000	undef	0.0000
		Haut 0.0404	0.0000	undef	0.0000
		Hepatisch 0.0000	0.0129	0.0000	undef
		Herz 0.0053	0.0137	0.3855	2.5941
20		Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
		Lunge 0.0280	0.0061	4.5723	0.2187
		Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
		Muskel-Skelett 0.0308	0.0120	2.5700	0.3891
		Niere 0.0244	0.0068	3.5687	0.2802
		Pankreas 0.0116	0.0000	undef	0.0000
25		Penis 0.0150	0.0267	0.5616	1.7807
		Prostata 0.0022	0.0064	0.3412	2.9308
		Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
		Uterus_Myometrium 0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
		Uterus_allgemein 0.0509	0.0000	undef	0.0000
30		Brust-Hyperplasie 0.0128			
		Prostata-Hyperplasie 0.0059			
		Samenblase 0.0000			
		Sinnesorgane 0.0000			
		Weisse_Blutkoerperchen 0.0147			
35		Zervix 0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
40		Entwicklung 0.0000
		Gastrointestinal 0.0139
		Gehirn 0.0000
		Haematopoetisch 0.0079
		Haut 0.0000
		Hepatisch 0.0000
45		Herz-Blutgefuesse 0.0142
		Lunge 0.0397
		Nebenniere 0.0000
		Niere 0.0124
		Placenta 0.0121
50		Prostata 0.0000
		Sinnesorgane 0.0126

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55		Brust 0.0136
		Eierstock_n 0.1595
		Eierstock_t 0.0051
		Endokrines_Gewebe 0.0000
		Foetal 0.0111
60		Gastrointestinal 0.0122
		Haematopoetisch 0.0000
		Haut-Muskel 0.0032
		Hoden 0.0077
		Lunge 0.0000
65		Nerven 0.0050
		Prostata 0.0205
		Sinnesorgane 0.0000
		Uterus_n 0.0208

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0078	0.0102	0.7627	1.3111	5
Brust	0.0038	0.0132	0.2917	3.4287	
Duenn darm	0.0092	0.0000	undef	0.0000	10
Eierstock	0.0150	0.0052	2.8781	0.3474	
Endokrines Gewebe	0.0051	0.0025	2.0377	0.4907	
Gastrointestinal	0.0000	0.0139	0.0000	undef	
Gehirn	0.0067	0.0103	0.6480	1.5433	
Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000	15
Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0138	0.0137	1.0023	0.9977	
Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326	
Lunge	0.0031	0.0041	0.7621	1.3122	20
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef	
Muskel-Skelett	0.0188	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219	
Pankreas	0.0066	0.0000	undef	0.0000	
Penis	0.0030	0.0533	0.0562	17.8070	25
Prostata	0.0087	0.0192	0.4549	2.1981	
Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0152	0.0136	1.1223	0.8911	
Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0064				
Prostata-Hyperplasie	0.0059				30
Samenblase	0.0089				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0095				
Zervix	0.0106				35
FOETUS					
%Haeufigkeit					
Entwicklung	0.0139				
Gastrointestinal	0.0083				40
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0079				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0260				
Herz-Blutgefuesse	0.0071				45
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0062				
Placenta	0.0182				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				50
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
%Haeufigkeit					
Brust	0.0408				55
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0810				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0169				
Gastrointestinal	0.0366				60
Haematopoetisch	0.0114				
Haut-Muskel	0.0162				
Hoden	0.0077				
Lunge	0.0082				
Nerven	0.0050				
Prostata	0.0137				65
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0291				

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
30	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
40	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
45	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
50	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0102	0.0000	undef	0.0000	
Duennndarm	0.0061	0.0165	0.3707	2.6973	10
Eierstock	0.0150	0.0000	undef	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0025	2.7170	0.3681	
Gastrointestinal	0.0057	0.0093	0.6213	1.6096	
Gehirn	0.0044	0.0021	2.1599	0.4630	
Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000	15
Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0238	0.0000	undef	0.0000	
Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0000	0.0102	0.0000	undef	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef	20
Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0136	0.0000	undef	0.0000	
Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0109	0.0234	0.4653	2.1492	25
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0528	0.0000	undef	
Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445	0.4455	
Uterus_allgemein	0.0407	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0128				
Prostata-Hyperplasie	0.0178				30
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0470				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0026				
Zervix	0.0000				35
FOETUS					
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0028				40
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0079				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0036				
Lunge	0.0072				45
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0062				
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0249				
Sinnesorgane	0.0000				50
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0204				
Eierstock_n	0.0000				55
Eierstock_t	0.0253				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0111				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				60
Haut-Muskel	0.0032				
Hoden	0.0231				
Lunge	0.0082				
Nerven	0.0050				
Prostata	0.0068				
Sinnesorgane	0.0155				65
Uterus_n	0.0000				

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0051	2.2882	0.4370
10	Brust	0.0077	0.0056	1.3611	0.7347
	Duenn darm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0210	0.0026	8.0588	0.1241
	Endokrines_Gewebe	0.0170	0.0201	0.8491	1.1778
	Gastrointestinal	0.0134	0.0185	0.7248	1.3797
	Gehirn	0.0037	0.0144	0.2571	3.8891
15	Haematopoetisch	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0257	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0388	0.2451	4.0800
	Herz	0.0095	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0117	0.9839	1.0163
20	Lunge	0.0083	0.0061	1.3548	0.7381
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0060	0.8567	1.1673
	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0064	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000
30	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0267			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
35	Zervix	0.0000			
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
40	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0188			
	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
45	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0145			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0185			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
55	Brust	0.0068			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0405			
	Endokrines_Gewebe	0.0735			
	Foetal	0.0029			
60	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0000			

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0000	0.0051	0.0000 undef	5
Brust	0.0102	0.0094	1.0888 0.9184	
Duennndarm	0.0031	0.0000	undef 0.0000	
Eierstock	0.0270	0.0130	2.0723 0.4826	10
Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0100	0.8491 1.1778	
Gastrointestinal	0.0057	0.0046	1.2425 0.8048	
Gehirn	0.0074	0.0072	1.0285 0.9723	
Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef undef	15
Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000 undef	
Herz	0.0021	0.0000	undef 0.0000	
Hoden	0.0058	0.0000	undef 0.0000	
Lunge	0.0073	0.0041	1.7781 0.5624	
Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0077	1.2605 0.7933	20
Muskel-Skelett	0.0034	0.0120	0.2856 3.5020	
Niere	0.0000	0.0000	undef undef	
Pankreas	0.0033	0.0000	undef 0.0000	
Penis	0.0030	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0109	0.0277	0.3937 2.5400	25
Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0152	0.0204	0.7482 1.3366	
Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef 0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0064			
Prostata-Hyperplasie	0.0208			30
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
Zervix	0.0106			35
FOETUS				
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0139			
Gastrointestinal	0.0111			40
Gehirn	0.0125			
Haematopoetisch	0.0157			
Haut	0.0000			
Hepatisch	0.0000			
Herz-Blutgefuesse	0.0036			
Lunge	0.0217			45
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0062			
Placenta	0.0121			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			50
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0000			55
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0405			
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0181			
Gastrointestinal	0.0000			60
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0000			
Hoden	0.0154			
Lunge	0.0000			
Nerven	0.0100			
Prostata	0.0000			65
Sinnesorgane	0.0000			
Uterus_n	0.0208			

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5		Blase 0.0156	0.0026	6.1018	0.1639
		Brust 0.0115	0.0075	1.5312	0.6531
		Duenndarm 0.0000	0.0000	undef	undef
10		Eierstock 0.0210	0.0026	8.0588	0.1241
		Endokrines_Gewebe 0.0119	0.0100	1.1887	0.8413
		Gastrointestinal 0.0038	0.0093	0.4142	2.4145
		Gehirn 0.0037	0.0031	1.1999	0.8334
		Haematopoetisch 0.0080	0.0000	undef	0.0000
15		Haut 0.0037	0.0000	undef	0.0000
		Hepatisch 0.0095	0.0194	0.4902	2.0400
		Herz 0.0011	0.0275	0.0385	25.9412
		Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
		Lunge 0.0042	0.0041	1.0161	0.9842
20		Magen-Speiserohre 0.0000	0.0000	undef	undef
		Muskel-Skelett 0.0017	0.0120	0.1428	7.0040
		Niere 0.0190	0.0000	undef	0.0000
		Pankreas 0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
		Penis 0.0060	0.0000	undef	0.0000
25		Prostata 0.0065	0.0085	0.7677	1.3026
		Uterus_Endometrium 0.0135	0.0000	undef	0.0000
		Uterus_Myometrium 0.0305	0.0068	4.4891	0.2228
		Uterus_allgemein 0.0306	0.0000	undef	0.0000
		Brust-Hyperplasie 0.0000			
30		Prostata-Hyperplasie 0.0089			
		Samenblase 0.0000			
		Sinnesorgane 0.0000			
		Weisse_Blutkoerperchen 0.0035			
		Zervix 0.0106			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
		Entwicklung 0.0000			
40		Gastrointestinal 0.0111			
		Gehirn 0.0000			
		Haematopoetisch 0.0000			
		Haut 0.0000			
		Hepatisch 0.0000			
		Herz-Blutgefuesse 0.0000			
45		Lunge 0.0036			
		Nebenniere 0.0000			
		Niere 0.0000			
		Placenta 0.0000			
		Prostata 0.0000			
50		Sinnesorgane 0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55		Brust 0.0340			
		Eierstock_n 0.0000			
		Eierstock_t 0.0101			
		Endokrines_Gewebe 0.0000			
		Foetal 0.0082			
60		Gastrointestinal 0.0000			
		Haematopoetisch 0.0000			
		Haut-Muskel 0.0000			
		Hoden 0.0000			
		Lunge 0.0000			
		Nerven 0.0010			
65		Prostata 0.0068			
		Sinnesorgane 0.0000			
		Uterus_n 0.0000			

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0026	0.0075	0.3403	2.9389	
Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0120	0.0052	2.3025	0.4343	
Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0100	1.1887	0.8413	10
Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000	
Gehirn	0.0067	0.0062	1.0799	0.9260	
Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0042	0.0020	2.0321	0.4921	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000	
Pankreas	0.0017	0.0055	0.2991	3.3428	
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0064				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				30
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0104				
Zervix	0.0000				
FOETUS					35
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				40
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0036				
Nebenniere	0.0000				45
Niere	0.0000				
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				50
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				55
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0064				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0228				60
Haut-Muskel	0.0130				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0020				
Prostata	0.0068				
Sinnesorgane	0.0000				65
Uterus_n	0.0125				

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0117	0.0026	4.5763	0.2185	5
Brust	0.0205	0.0075	2.7221	0.3674	
Duennndarm	0.0031	0.0165	0.1854	5.3946	
Eierstock	0.0210	0.0026	8.0588	0.1241	
Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0125	0.6792	1.4722	10
Gastrointestinal	0.0096	0.0046	2.0708	0.4829	
Gehirn	0.0037	0.0021	1.7999	0.5556	
Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Herz	0.0106	0.0137	0.7710	1.2971	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0073	0.0082	0.8891	1.1248	
Magen-Speiserohre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933	
Muskel-Skelett	0.0103	0.0300	0.3427	2.9183	20
Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000	
Pankreas	0.0017	0.0276	0.0598	16.7142	
Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0044	0.0064	0.6824	1.4654	
Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000	25
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0064				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0089				30
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				
FOETUS					35
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0118				40
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0108				
Nebenniere	0.0000				45
Niere	0.0000				
Placenta	0.0061				
Prostata	0.0499				
Sinnesorgane	0.0000				50
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0952				
Eierstock_n	0.0000				55
Eierstock_t	0.0051				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0064				
Gastrointestinal	0.0122				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0194				60
Hoden	0.0154				
Lunge	0.0246				
Nerven	0.0010				
Prostata	0.0068				
Sinnesorgane	0.0000				65
Uterus_n	0.0125				

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5		Blase 0.0234	0.0000	undef	0.0000
		Brust 0.0166	0.0226	0.7372	1.3564
		Duenndarm 0.0000	0.0165	0.0000	undef
10		Eierstock 0.0270	0.0000	undef	0.0000
		Endokrines_Gewebe 0.0238	0.0251	0.9509	1.0516
		Gastrointestinal 0.0096	0.0093	1.0354	0.9658
		Gehirn 0.0089	0.0072	1.2342	0.8102
		Haematopoetisch 0.0027	0.0000	undef	0.0000
15		Haut 0.0220	0.0000	undef	0.0000
		Hepatisch 0.0143	0.0518	0.2757	3.6266
		Herz 0.0148	0.0000	undef	0.0000
		Hoden 0.0230	0.0117	1.9679	0.5082
		Lunge 0.0208	0.0266	0.7816	1.2794
20		Magen-Speiserohre 0.0000	0.0000	undef	undef
		Muskel-Skelett 0.0120	0.0120	0.9994	1.0006
		Niere 0.0081	0.0137	0.5948	1.6813
		Pankreas 0.0149	0.0221	0.6731	1.4857
		Penis 0.0180	0.0000	undef	0.0000
		Prostata 0.0218	0.0213	1.0236	0.9769
25		Uterus_Endometrium 0.0068	0.0000	undef	0.0000
		Uterus_Myometrium 0.0229	0.0340	0.6734	1.4851
		Uterus_allgemein 0.0204	0.0000	undef	0.0000
		Brust-Hyperplasie 0.0224			
		Prostata-Hyperplasie 0.0208			
30		Samenblase 0.0445			
		Sinnesorgane 0.0235			
		Weisse_Blutkoerperchen 0.0009			
		Zervix 0.0213			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
		Entwicklung 0.0000			
		Gastrointestinal 0.0167			
40		Gehirn 0.0000			
		Haematopoetisch 0.0079			
		Haut 0.0000			
		Hepatisch 0.0000			
		Herz-Blutgefuesse 0.0000			
45		Lunge 0.0108			
		Nebenniere 0.0000			
		Niere 0.0000			
		Placenta 0.0061			
		Prostata 0.0000			
50		Sinnesorgane 0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
		Brust 0.0000			
55		Eierstock_n 0.0000			
		Eierstock_t 0.0000			
		Endokrines_Gewebe 0.0245			
		Foetal 0.0111			
		Gastrointestinal 0.0000			
60		Haematopoetisch 0.0000			
		Haut-Muskel 0.0065			
		Hoden 0.0154			
		Lunge 0.0000			
		Nerven 0.0020			
65		Prostata 0.0068			
		Sinnesorgane 0.0000			
		Uterus_n 0.0042			

□

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0000	0.0026	0.0000 undef	5
Brust	0.0013	0.0019	0.6805 1.4694	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef undef	
Eierstock	0.0150	0.0000	undef 0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792-1.4722	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef undef	10
Gehirn	0.0022	0.0010	2.1599 0.4630	
Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0110	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000 undef	
Herz	0.0085	0.0000	undef 0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef undef	
Lunge	0.0031	0.0000	undef 0.0000	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000 undef	
Muskel-Skelett	0.0343	0.0000	undef 0.0000	
Niere	0.0000	0.0000	undef undef	20
Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000 undef	
Penis	0.0150	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0044	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef undef	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef 0.0000	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.0030			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
Zervix	0.0000			

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0000	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut	0.0000	40
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0000	45
Placenta	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0136	
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	55
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0023	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0000	60
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0030	
Prostata	0.0068	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0000	65

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0273	0.0102	2.6695	0.3746
	Brust	0.0345	0.0075	4.5936	0.2177
	Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0120	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0025	5.4340	0.1840
	Gastrointestinal	0.0038	0.0046	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0044	0.0082	0.5400	1.8520
	Haematopoetisch	0.0094	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0367	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0371	0.0137	2.6984	0.3706
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0260	0.0225	1.1546	0.8661
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0103	0.0240	0.4283	2.3347
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0064	0.3412	2.9308
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0381	0.0068	5.6113	0.1782
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0224			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0532			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0417			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0249			
	Lunge	0.0217			
	Nebenniere	0.0000			
45	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0272			
	Eierstock_n	0.0000			
55	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0157			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
60	Haut-Muskel	0.0227			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0080			
	Prostata	0.0000			
65	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0375			

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef	5
Brust	0.0000	0.0038	0.0000	undef	
Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0150	0.0000	undef	0.0000	10
Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gehirn	0.0037	0.0021	1.7999	0.5556	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0052	0.0020	2.5402	0.3937	20
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0000	0.0137	0.0000	undef	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0131	0.0043	3.0709	0.3256	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000	30
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	35
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0089				40
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				45
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				50

FOETUS					
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				35
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				40
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0036				
Lunge	0.0036				45
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				
Placenta	0.0061				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				50

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				55
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				60
Foetal	0.0029				
Gastrointestinal	0.0000				65
Haematopoetisch	0.0057				
Haut-Muskel	0.0000				65
Hoden	0.0154				
Lunge	0.0082				65
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				65
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				65

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0153	0.5085	1.9666
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0210	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0025	2.7170	0.3681
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0022	0.0051	0.4320	2.3149
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0137	0.1542	6.4853
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0125	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0307	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0033	0.0331	0.0997	10.0285
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0083
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0071
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0204
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0051
55	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0006
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0032
60	Hoden	0.0154
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0205
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0250

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0078	0.0153	0.5085	1.9666	5
Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0180	0.0000	undef	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000	10
Gehirn	0.0022	0.0031	0.7200	1.3890	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0073	0.0000	undef	0.0000	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0307	0.0000	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0387	0.0000	undef	
Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000	25
Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0083	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut	0.0000	
Hepatisch	0.0000	40
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0000	
Placenta	0.0000	45
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0068	50
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0051	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0006	
Gastrointestinal	0.0000	55
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0077	
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0000	60
Prostata	0.0068	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0167	65

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0077	1.5254	0.6555
	Brust	0.0102	0.0019	5.4442	0.1837
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0150	0.0026	5.7563	0.1737
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0037	0.0041	0.8999	1.1112
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0137	0.0000	undef
20	Pankreas	0.0000	0.0110	0.0000	undef
	Penis	0.0329	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0470			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0139
	Gehirn	0.0250
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0072
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0242
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0612
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0041
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0154
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0070
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0083

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0000	undef	undef	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Eierstock	0.0120	0.0000	undef	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				30
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				35
FOETUS					
%Haeufigkeit					
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				40
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				45
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				50
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
%Haeufigkeit					
Brust	0.0000				55
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				60
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				65
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5					
	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
10					
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
35	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
40	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
45	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
50	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0078	0.0026	3.0509	0.3278	5
Brust	0.0307	0.0301	1.0208	0.9796	
Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0180	0.0026	6.9075	0.1448	
Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0000	undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000	10
Gehirn	0.0015	0.0072	0.2057	4.8614	
Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000	
Herz	0.0148	0.0137	1.0794	0.9265	15
Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0093	0.0020	4.5723	0.2187	
Magen-Speiserohre	0.0290	0.0307	0.9454	1.0578	
Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219	20
Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0044	0.0043	1.0236	0.9769	
Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445	0.4455	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0064				
Prostata-Hyperplasie	0.0059				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0106				

FOETUS					
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				35
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				40
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				
Placenta	0.0000				45
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0126				

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				50
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0017				
Gastrointestinal	0.0000				55
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				60
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0125				

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5					
	Blase	0.0546	0.0204	2.6695	0.3746
	Brust	0.0397	0.0075	5.2741	0.1896
10					
	Duennndarm	0.0337	0.0165	2.0391	0.4904
	Eierstock	0.0210	0.0026	8.0588	0.1241
	Endokrines_Gewebe	0.0102	0.0125	0.8151	1.2268
	Gastrointestinal	0.0287	0.0000	undef	0.0000
15	Gehirn	0.0103	0.0051	2.0159	0.4961
	Haematopoetisch	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
	Herz	0.0265	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0053	0.0000	undef	0.0000
20	Lunge	0.0166	0.0041	4.0643	0.2460
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0077	2.5211	0.3967
	Muskel-Skelett	0.0183	0.0120	1.5705	0.6367
	Niere	0.0136	0.0068	1.9826	0.5044
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
25	Penis	0.0599	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0305	0.0362	0.8430	1.1863
	Uterus_Endometrium	0.0541	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0068	4.4891	0.2228
	Uterus_allgemein	0.0509	0.0000	undef	0.0000
30	Brust-Hyperplasie	0.0288			
	Prostata-Hyperplasie	0.0297			
	Samenblase	0.0356			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
35	Zervix	0.0213			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
40	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0083
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0157
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0260
45	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0181
	Nebenniere	0.0254
	Niere	0.0309
	Placenta	0.0000
50	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0816
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0101
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0111
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0040
	Prostata	0.0410
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0291

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
				5
Blase	0.0039	0.0102	0.3814	2.6222
Brust	0.0077	0.0019	4.0832	0.2449
Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
Eierstock	0.0180	0.0000	undef	0.0000
Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0100	0.1698	5.8889
Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
Gehirn	0.0118	0.0092	1.2799	0.7813
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
Hepatisch	0.0000	0.0259	0.0000	undef
Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
Lunge	0.0062	0.0020	3.0482	0.3281
Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
Pankreas	0.0050	0.0166	0.2991	3.3428
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
Prostata	0.0131	0.0085	1.5354	0.6513
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
Uterus_Myometrium	0.0229	0.0068	3.3668	0.2970
Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
Brust-Hyperplasie	0.0064			
Prostata-Hyperplasie	0.0089			
Samenblase	0.0089			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
Zervix	0.0106			
				35
FOETUS				
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			
Gastrointestinal	0.0056			
Gehirn	0.0375			
Haematopoetisch	0.0039			
Haut	0.0000			
Hepatisch	0.0000			
Herz-Blutgefuesse	0.0000			
Lunge	0.0108			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0062			
Placenta	0.0121			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
				50
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0408			
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0253			
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0087			
Gastrointestinal	0.0000			
Haematopoetisch	0.0114			
Haut-Muskel	0.0162			
Hoden	0.0154			
Lunge	0.0000			
Nerven	0.0151			
Prostata	0.0068			
Sinnesorgane	0.0155			
Uterus_n	0.0250			
				65

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
10	Brust	0.0090	0.0019	4.7637	0.2099
	Duennndarm	0.0031	0.0165	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0210	0.0026	8.0588	0.1241
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0214	0.0072	2.9827	0.3353
15	Haematopoetisch	0.0000	0.0379	0.0000	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0230	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0093	0.0041	2.2862	0.4374
20	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
25	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
30	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			

35

		FOETUS
		%Haeufigkeit
40	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0056
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
45	Lunge	0.0108
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0035
60	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0050
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0077
	Uterus_n	0.0000

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0000	undef	undef	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000	10
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				30
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				35
FOETUS					
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				40
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0036				
Lunge	0.0000				45
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				50
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				55
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				60
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				65
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				

		NORMAL	TUMCR	Verhaeltnisse	
5		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
30	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
40	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
45	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0078	0.0128	0.6102 1.6389	5
Brust	0.0026	0.0019	1.3611 0.7347	
Duenn darm	0.0031	0.0000	undef 0.0000	10
Eierstock	0.0240	0.0052	4.6050 0.2172	
Endokrines Gewebe	0.0051	0.0050	1.0189 0.9815	
Gastrointestinal	0.0077	0.0046	1.6567 0.6036	
Gehirn	0.0089	0.0236	0.3756 2.6622	
Haematopoetisch	0.0147	0.0000	undef 0.0000	15
Haut	0.0037	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000 undef	
Herz	0.0074	0.0275	0.2698 3.7059	
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000 undef	
Lunge	0.0093	0.0000	undef 0.0000	20
Magen-Speiserohre	0.0483	0.0000	undef 0.0000	
Muskel-Skelett	0.0120	0.0060	1.9989 0.5003	
Niere	0.0163	0.0068	2.3791 0.4203	
Pankreas	0.0149	0.0110	1.3462 0.7429	
Penis	0.0030	0.0533	0.0562 17.8070	
Prostata	0.0087	0.0021	4.0945 0.2442	25
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef undef	
Uterus_allgemein	0.0204	0.0000	undef 0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0064			
Prostata-Hyperplasie	0.0059			30
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0113			
Zervix	0.0000			35
FOETUS				
%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000			
Gastrointestinal	0.0194			40
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0079			
Haut	0.0000			
Hepatisch	0.0000			
Herz-Blutgefuesse	0.0000			
Lunge	0.0145			45
Nebenniere	0.0254			
Niere	0.0062			
Placenta	0.0061			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			50
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
%Haeufigkeit				
Brust	0.0000			55
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0101			
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0000			
Gastrointestinal	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			60
Haut-Muskel	0.0032			
Hoden	0.0154			
Lunge	0.0164			
Nerven	0.0040			
Prostata	0.0068			65
Sinnesorgane	0.1703			
Uterus_n	0.0208			

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5					
	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0180	0.0026	6.9075	0.1448
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0111	0.0051	2.1599	0.4630
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
20	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
30	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0278			
40	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
45	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
55	Brust	0.0136			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0162			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0110			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	
Brust	0.0090	0.0019	4.7637	0.2099	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0210	0.0000	undef	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722	10
Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef	
Gehirn	0.0037	0.0010	3.5998	0.2778	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0058	0.0234	0.2460	4.0652	
Lunge	0.0010	0.0061	0.1693	5.9051	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef	20
Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000	
Pankreas	0.0017	0.0110	0.1496	6.6857	
Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0044	0.0064	0.6824	1.4654	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_Myometrium	0.0229	0.0136	1.6834	0.5940	
Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0032				
Prostata-Hyperplasie	0.0119				
Samenblase	0.0267				30
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0017				
Zervix	0.0000				
FOETUS					
%Haeufigkeit					
Entwicklung	0.0139				
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				40
Haematopoetisch	0.0079				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0071				
Lunge	0.0036				45
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				50
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
%Haeufigkeit					
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				55
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0000				
Gastrointestinal	0.0122				
Haematopoetisch	0.0000				60
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0082				
Nerven	0.0010				
Prostata	0.0205				65
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0042				

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
5		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0039	0.0051	0.7627	1.3111
	Brust	0.0038	0.0038	1.0208	0.9796
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0150	0.0026	5.7563	0.1737
	Endokrines Gewebe	0.0034	0.0100	0.3396	2.9444
	Gastrointestinal	0.0038	0.0139	0.2761	3.6217
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0000	0.0275	0.0000	undef
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0073	0.0041	1.7781	0.5624
20	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
25	Prostata	0.0000	0.0043	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
30	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			
35					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
40	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0181			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0251			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0157			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0070			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0125			

□		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
□		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	5
□					
	Blase	0.0468	0.0486	0.9634 1.0379	
	Brust	0.0499	0.0357	1.3969 0.7159	
	Duenn darm	0.0491	0.0000	undef 0.0000	
	Eierstock	0.0958	0.0416	2.3025 0.4343	10
	Endokrines Gewebe	0.0238	0.0326	0.7315 1.3671	
	Gastrointestinal	0.0421	0.0786	0.5360 1.8657	
	Gehirn	0.0155	0.0585	0.2652 3.7701	
	Haematopoetisch	0.0521	0.0000	undef 0.0000	
	Haut	0.0367	0.0000	undef 0.0000	15
	Hepatisch	0.0000	0.0453	0.0000 undef	
	Herz	0.0435	0.0687	0.6322 1.5818	
	Hoden	0.0173	0.0819	0.2108 4.7428	
	Lunge	0.0322	0.0532	0.6057 1.6509	
	Magen-Speiserohre	0.0580	0.0230	2.5211 0.3967	20
	Muskel-Skelett	0.0188	0.0120	1.5705 0.6367	
	Niere	0.0081	0.0753	0.1081 9.2471	
	Pankreas	0.0281	0.0718	0.3912 2.5563	
	Penis	0.0509	0.0533	0.9547 1.0475	
	Prostata	0.0588	0.0362	1.6258 0.6151	25
	Uterus_Endometrium	0.0676	0.0000	undef 0.0000	
	Uterus_Myometrium	0.0686	0.0543	1.2625 0.7920	
	Uterus_allgemein	0.0509	0.0954	0.5337 1.8736	
	Brust-Hyperplasie	0.0576			
	Prostata-Hyperplasie	0.0624			30
	Samenblase	0.1780			
	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0277			
	Zervix	0.0106			
					35
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0777			40
	Gehirn	0.0813			
	Haematopoetisch	0.0590			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0356			45
	Lunge	0.0939			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0309			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0748			
	Sinnesorgane	0.0000			50
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			55
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0244			60
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0342			65
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
5		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0078	0.0051	1.5254	0.6555
	Brust	0.0026	0.0019	1.3611	0.7347
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0210	0.0026	8.0588	0.1241
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0077	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0030	0.0010	2.8798	0.3472
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0111			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
45	Lunge	0.0108			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0052			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0100			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0195	0.0102	1.9068	0.5244	5
Brust	0.0064	0.0132	0.4861	2.0572	
Duennndarm	0.0123	0.0331	0.3707	2.6973	
Eierstock	0.0240	0.0104	2.3025	0.4343	
Endokrines_Gewebe	0.0102	0.0251	0.4075	2.4537	10
Gastrointestinal	0.0268	0.0000	undef	0.0000	
Gehirn	0.0148	0.0185	0.8000	1.2501	
Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0220	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000	15
Herz	0.0201	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0058	0.0234	0.2460	4.0652	
Lunge	0.0177	0.0061	2.8789	0.3474	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0383	0.0000	undef	
Muskel-Skelett	0.0188	0.0060	3.1411	0.3184	20
Niere	0.0271	0.0205	1.3217	0.7566	
Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000	
Penis	0.0180	0.0533	0.3369	2.9678	
Prostata	0.0174	0.0149	1.1699	0.8548	
Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000	25
Uterus_Myometrium	0.0381	0.0340	1.1223	0.8911	
Uterus_allgemein	0.0204	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0160				
Prostata-Hyperplasie	0.0149				
Samenblase	0.0089				30
Sinnesorgane	0.0118				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0069				
Zervix	0.0000				
FOETUS					35
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0056				
Gehirn	0.0063				
Haematopoetisch	0.0118				40
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0391				
Lunge	0.0217				
Nebenniere	0.0000				45
Niere	0.0124				
Placenta	0.0242				
Prostata	0.0249				
Sinnesorgane	0.0000				50
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				55
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0530				
Gastrointestinal	0.0122				
Haematopoetisch	0.0057				
Haut-Muskel	0.0713				60
Hoden	0.0309				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0251				
Prostata	0.0274				
Sinnesorgane	0.0155				65
Uterus_n	0.0541				

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0077	1.5254	0.6555
	Brust	0.0038	0.0150	0.2552	3.9185
	Duennndarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0569	0.0078	7.2913	0.1371
10	Endokrines_Gewebe	0.0170	0.0150	1.1321	0.8833
	Gastrointestinal	0.0077	0.0093	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0052	0.0164	0.3150	3.1748
	Haematopoetisch	0.0107	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0323	0.0000	undef
15	Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0062	0.0123	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0230	0.4202	2.3799
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0027	0.0137	0.1983	5.0439
	Pankreas	0.0116	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0131	0.0170	0.7677	1.3026
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0272	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0078			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0083
	Gehirn	0.0375
40	Haematopoetisch	0.0079
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0253
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0124
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
55	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0151
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0228
60	Haut-Muskel	0.0194
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0060
	Prostata	0.0342
65	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0167

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0117	0.0128	0.9153	1.0926	5
Brust	0.0038	0.0188	0.2042	4.8982	
Duenn darm	0.0092	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0569	0.0078	7.2913	0.1371	10
Endokrines_Gewebe	0.0221	0.0201	1.1038	0.9060	
Gastrointestinal	0.0115	0.0093	1.2425	0.8048	
Gehirn	0.0044	0.0164	0.2700	3.7039	15
Haematopoetisch	0.0134	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0323	0.0000	undef	20
Herz	0.0148	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0115	0.0234	0.4920	2.0326	
Lunge	0.0104	0.0143	0.7258	1.3779	25
Magen-Speiserohre	0.0097	0.0307	0.3151	3.1733	
Muskel-Skelett	0.0034	0.0120	0.2856	3.5020	
Niere	0.0081	0.0068	1.1896	0.8406	30
Pankreas	0.0149	0.0000	undef	0.0000	
Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0153	0.0170	0.8957	1.1165	35
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0305	0.0272	1.1223	0.8911	
Uterus_allgemein	0.0204	0.0000	undef	0.0000	40
Brust-Hyperplasie	0.0032				
Prostata-Hyperplasie	0.0059				
Samenblase	0.0089				45
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0095				
Zervix	0.0319				50
					55
					60
					65

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0230	0.3390	2.9500
10	Brust	0.0358	0.0301	1.1909	0.8397
	Duennndarm	0.0368	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0210	0.0104	2.0147	0.4964
	Endokrines_Gewebe	0.0238	0.0251	0.9509	1.0516
	Gastrointestinal	0.0057	0.0093	0.6213	1.6096
	Gehirn	0.0126	0.0318	0.3948	2.5328
15	Haematopoetisch	0.0160	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0129	0.7353	1.3600
	Herz	0.0212	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0234	0.4920	2.0326
20	Lunge	0.0239	0.0225	1.0623	0.9414
	Magen-Speiseroehre	0.0483	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0274	0.0360	0.7615	1.3133
	Niere	0.0244	0.0205	1.1896	0.8406
	Pankreas	0.0066	0.0387	0.1709	5.8500
	Penis	0.0389	0.0533	0.7301	1.3698
25	Prostata	0.0436	0.0255	1.7060	0.5862
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0204	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0306	0.0000	undef	0.0000
30	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0416			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
35	Zervix	0.0213			
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
40	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0139			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
45	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0217			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0185			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0499			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
55	Brust	0.0272			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0405			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0082			
60	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0292			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0030			
65	Prostata	0.0274			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

□		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
□		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
□					5
	Blase	0.0039	0.0179	0.2179	4.5888
	Brust	0.0128	0.0094	1.3611	0.7347
	Duennndarm	0.0123	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0240	0.0078	3.0700	0.3257
	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0050	2.3774	0.4206
	Gastrointestinal	0.0077	0.0139	0.5522	1.8109
	Gehirn	0.0140	0.0164	0.8550	1.1697
	Haematopoetisch	0.0094	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.1695	0.0433	23.0839
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0138	0.0137	1.0023	0.9977
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0114	0.0143	0.7983	1.2526
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0240	0.4283	2.3347
	Niere	0.0190	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0110	0.2991	3.3428
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0153	0.0128	1.1942	0.8374
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0136	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0160			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0356			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0095			
	Zervix	0.0213			
					35
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0278			
	Gehirn	0.0313			
	Haematopoetisch	0.0275			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0178			
	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0247			
	Placenta	0.0364			
	Prostata	0.0748			
	Sinnesorgane	0.0000			
					50
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0136			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0253			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0050			
	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			
					65

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5					
	Blase	0.0546	0.0537	1.0170	0.9833
	Brust	0.0051	0.0038	1.3611	0.7347
10	Duennndarm	0.0613	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0329	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0421	0.0278	1.5186	0.6585
	Gehirn	0.0081	0.0072	1.1314	0.8839
15	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0404	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0476	0.1294	0.3676	2.7200
	Herz	0.0170	0.5636	0.0301	33.2371
	Hoden	0.0115	0.0234	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0042	0.0000	undef	0.0000
20	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0153	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.2176	0.0060	36.2649	0.0276
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0221	0.0748	13.3713
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
25	Prostata	0.0479	0.0532	0.9008	1.1101
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
30	Prostata-Hyperplasie	0.0832			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
40	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
45	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0424			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
55	Brust	0.0136			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0134			
60	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.1677	0.0486	3.4523	0.2897	5
Brust	0.2162	0.1015	2.1298	0.4695	
Duennndarm	0.0705	0.0331	2.1317	0.4691	
Eierstock	0.2336	0.0416	5.6124	0.1782	10
Endokrines_Gewebe	0.0801	0.0251	3.1925	0.3132	
Gastrointestinal	0.0881	0.1110	0.7938	1.2597	
Gehirn	0.0606	0.0483	1.2561	0.7961	
Haematopoetisch	0.0107	0.0379	0.2823	3.5422	
Haut	0.2203	0.0847	2.5992	0.3847	15
Hepatisch	0.0666	0.0259	2.5735	0.3886	
Herz	0.1293	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0920	0.0468	1.9679	0.5082	
Lunge	0.1236	0.0593	2.0847	0.4797	
Magen-Speiserohre	0.0483	0.0920	0.5252	1.9040	20
Muskel-Skelett	0.2073	0.2700	0.7678	1.3024	
Niere	0.1059	0.0068	15.4643	0.0647	
Pankreas	0.0297	0.0663	0.4487	2.2286	
Penis	0.1377	0.0267	5.1665	0.1936	
Prostata	0.0479	0.0277	1.7323	0.5773	25
Uterus_Endometrium	0.0946	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.1906	0.1562	1.2199	0.8198	
Uterus_allgemein	0.3361	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.2782				
Prostata-Hyperplasie	0.0981				30
Samenblase	0.0356				
Sinnesorgane	0.0353				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009				
Zervix	0.1491				35
FOETUS					
%Haeufigkeit					
Entwicklung	0.2783				
Gastrointestinal	0.0833				40
Gehirn	0.0250				
Haematopoetisch	0.0275				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0889				
Lunge	0.1012				45
Nebenniere	0.1268				
Niere	0.0432				
Placenta	0.2969				
Prostata	0.1496				
Sinnesorgane	0.0502				50
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
%Haeufigkeit					
Brust	0.0544				55
Eierstock_n	0.7974				
Eierstock_t	0.0101				
Endokrines_Gewebe	0.0490				
Foetal	0.0641				
Gastrointestinal	0.0122				60
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0292				
Hoden	0.0154				
Lunge	0.0082				
Nerven	0.0191				
Prostata	0.0137				65
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0125				

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
5		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0180	0.0026	6.9075	0.1448
10	Endokrines_Gewebe	0.0545	0.0025	21.7359	0.0460
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0061	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000	0.0000		
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0741			
	Placenta	0.0727			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0041			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
60	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0068			
65	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0195	0.0179	1.0896	0.9178	5
Brust	0.0205	0.0113	1.8147	0.5510	
Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0210	0.0026	8.0588	0.1241	
Endokrines_Gewebe	0.0102	0.0075	1.3585	0.7361	10
Gastrointestinal	0.0057	0.0093	0.6213	1.6096	
Gehirn	0.0229	0.0185	1.2399	0.8065	
Haematopoetisch	0.0160	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0259	0.0000	undef	15
Herz	0.0064	0.0137	0.4626	2.1618	
Hoden	0.0173	0.0234	0.7380	1.3551	
Lunge	0.0125	0.0041	3.0482	0.3281	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0230	0.0000	undef	
Muskel-Skelett	0.0137	0.0120	1.1422	0.8755	20
Niere	0.0081	0.0137	0.5948	1.6813	
Pankreas	0.0033	0.0055	0.5983	1.6714	
Penis	0.0150	0.0533	0.2808	3.5614	
Prostata	0.0218	0.0128	1.7060	0.5862	
Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000	25
Uterus_Myometrium	0.0152	0.0136	1.1223	0.8911	
Uterus_allgemein	0.0357	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0032				
Prostata-Hyperplasie	0.0297				
Samenblase	0.0178				30
Sinnesorgane	0.0118				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0113				
Zervix	0.0106				
FOETUS					35
%Haeufigkeit					
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0111				
Gehirn	0.0188				40
Haematopoetisch	0.0236				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0260				
Herz-Blutgefuesse	0.0142				
Lunge	0.0217				
Nebenniere	0.0000				45
Niere	0.0124				
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				50
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
%Haeufigkeit					
Brust	0.0136				
Eierstock_n	0.0000				55
Eierstock_t	0.0101				
Endokrines_Gewebe	0.0245				
Foetal	0.0076				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0130				60
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0082				
Nerven	0.0211				
Prostata	0.0342				
Sinnesorgane	0.0000				65
Uterus_n	0.0000				

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust 0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duennndarm 0.0215	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0210	0.0104	2.0147	0.4964
10	Endokrines Gewebe 0.1311	0.0050	26.1510	0.0382
	Gastrointestinal 0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn 0.0000	0.0082	0.0000	undef
	Haematopoetisch 0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0904	0.0712	1.2701	0.7874
15	Herz 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden 0.0173	0.0000	undef	0.0000
	Lunge 0.0042	0.0102	0.4064	2.4605
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere 0.0679	0.0548	1.2391	0.8070
	Pankreas 0.0116	0.0166	0.6980	1.4326
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0044	0.0021	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0032			
	Prostata-Hyperplasie 0.0030			
	Samenblase 0.0000			
30	Sinnesorgane 0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	Zervix 0.0000			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0028
	Gehirn 0.0000
40	Haematopoetisch 0.0079
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0260
	Herz-Blutgefuesse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
45	Niere 0.0124
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
55	Eierstock_t 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0466
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
60	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0077
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0000
	Prostata 0.0000
65	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0000

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0975	0.0716	1.3620	0.7342	5
Brust	0.1292	0.0733	1.7624	0.5674	
Duennndarm	0.0429	0.0496	0.8651	1.1560	
Eierstock	0.1917	0.0624	3.0700	0.3257	
Endokrines_Gewebe	0.0801	0.0226	3.5472	0.2819	10
Gastrointestinal	0.0230	0.0278	0.8283	1.2072	
Gehirn	0.0939	0.2126	0.4417	2.2639	
Haematopoetisch	0.0441	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.1358	0.0000	undef	0.0000	15
Hepatisch	0.0095	0.0259	0.3676	2.7200	
Herz	0.1441	0.3986	0.3616	2.7658	
Hoden	0.0863	0.0234	3.6898	0.2710	
Lunge	0.0862	0.0818	1.0542	0.9486	20
Magen-Speiseroehre	0.0387	0.0690	0.5602	1.7850	
Muskel-Skelett	0.1645	0.2580	0.6375	1.5686	
Niere	0.0299	0.1096	0.2726	3.6683	
Pankreas	0.0264	0.1215	0.2176	4.5964	25
Penis	0.1856	0.1333	1.3927	0.7180	
Prostata	0.0436	0.0170	2.5591	0.3908	
Uterus_Endometrium	0.1013	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0838	0.0747	1.1223	0.8911	30
Uterus_allgemein	0.1833	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0895				
Prostata-Hyperplasie	0.0386				
Samenblase	0.0356				35
Sinnesorgane	0.0823				
Weisse_Blutkoerperchen	0.1145				
Zervix	0.1278				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0557	35
Gastrointestinal	0.0861	
Gehirn	0.0125	
Haematopoetisch	0.0944	
Haut	0.2513	40
Hepatisch	0.0260	
Herz-Blutgefuesse	0.1210	
Lunge	0.0867	
Nebenniere	0.1014	45
Niere	0.0618	
Placenta	0.1030	
Prostata	0.1745	
Sinnesorgane	0.0251	50

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0068	55
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0152	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0052	60
Gastrointestinal	0.0122	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0065	
Hoden	0.0000	65
Lunge	0.0328	
Nerven	0.0120	
Prostata	0.0068	
Sinnesorgane	0.0000	65
Uterus_n	0.0000	

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0141	0.0132	1.0694	0.9351
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0270	0.0052	5.1807	0.1930
	Endokrines_Gewebe	0.0102	0.0276	0.3705	2.6991
10	Gastrointestinal	0.0172	0.0139	1.2425	0.8048
	Gehirn	0.0074	0.0185	0.4000	2.5001
	Haematopoetisch	0.0201	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0053	0.0137	0.3855	2.5941
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0499	0.0225	2.2169	0.4511
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0307	0.3151	3.1733
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0060	1.9989	0.5003
20	Niere	0.0054	0.0274	0.1983	5.0439
	Pankreas	0.0083	0.0221	0.3739	2.6743
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0109	0.0064	1.7060	0.5862
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0503			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0111
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0118
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0181
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0121
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.3129
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.1164
55	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0274
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0227
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0070
	Prostata	0.0137
	Sinnesorgane	0.0619
65	Uterus_n	0.0375

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0039	0.0077	0.5085	1.9666	5
Brust	0.0077	0.0056	1.3611	0.7347	
Duennndarm	0.0123	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0599	0.0078	7.6750	0.1303	
Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0000	undef	0.0000	10
Gastrointestinal	0.0019	0.0139	0.1381	7.2434	
Gehirn	0.0015	0.0041	0.3600	2.7779	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	15
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0254	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0010	0.0041	0.2540	3.9367	20
Magen-Speiserohre	0.0193	0.0077	2.5211	0.3967	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0017	0.0110	0.1496	6.6857	25
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0044	0.0085	0.5118	1.9538	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0152	0.0136	1.1223	0.8911	30
Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0089				
Samenblase	0.0267				35
Sinnesorgane	0.0118				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009				
Zervix	0.0000				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0028	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0079	
Haut	0.0000	40
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.1174	
Lunge	0.0000	
Nebenniere	0.0000	45
Niere	0.0062	
Placenta	0.0000	
Prostata	0.0249	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	50
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0006	55
Gastrointestinal	0.0244	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0065	
Hoden	0.0000	60
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0000	
Prostata	0.0068	
Sinnesorgane	0.0000	65
Uterus_n	0.0000	

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.2582	0.0604	16.5526
	Brust	0.0205	0.0357	0.5731	1.7450
	Duennndarm	0.0061	0.0662	0.0927	10.7893
	Eierstock	0.0419	0.0130	3.2235	0.3102
	Endokrines_Gewebe	0.0460	0.0326	1.4107	0.7088
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0015	0.0698	0.0212	47.2249
	Haematopoetisch	0.0160	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0184	0.5085	0.0361	27.7007
	Hepatisch	0.0190	0.0518	0.3676	2.7200
	Herz	0.0106	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0114	0.0061	1.8628	0.5368
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0617	0.0480	1.2850	0.7782
	Niere	0.0434	0.0137	3.1722	0.3152
20	Pankreas	0.0198	0.0276	0.7180	1.3928
	Penis	0.0030	0.1066	0.0281	35.6140
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0473	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0305	0.1358	0.2245	4.4553
25	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0696
	Gastrointestinal	0.3554
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.2281
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	1.6381
	Herz-Blutgefuesse	0.0427
	Lunge	0.1337
	Nebenniere	1.0903
45	Niere	0.6857
	Placenta	0.6847
	Prostata	0.0499
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0544
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.1063
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.4170
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0030
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0250

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0000	0.0153	0.0000 undef	5
Brust	0.0448	0.0132	3.4026 0.2939	
Duennndarm	0.0184	0.0000	undef 0.0000	
Eierstock	0.0240	0.0052	4.6050 0.2172	
Endokrines_Gewebe	0.0187	0.0251	0.7472 1.3384	
Gastrointestinal	0.0134	0.0185	0.7248 1.3797	10
Gehirn	0.0333	0.0236	1.4086 0.7099	
Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0330	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0143	0.0065	2.2059 0.4533	
Herz	0.0180	0.0687	0.2621 3.8149	15
Hoden	0.0230	0.0000	undef 0.0000	
Lunge	0.0280	0.0204	1.3717 0.7290	
Magen-Speiserohre	0.0483	0.0230	2.1009 0.4760	
Muskel-Skelett	0.0120	0.0180	0.6663 1.5009	
Niere	0.0136	0.0205	0.6609 1.5132	20
Pankreas	0.0132	0.0166	0.7977 1.2536	
Penis	0.0329	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0131	0.0170	0.7677 1.3026	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef undef	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223 0.8911	25
Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef 0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0224			
Prostata-Hyperplasie	0.0119			
Samenblase	0.0089			
Sinnesorgane	0.0118			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			30
Zervix	0.0106			

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0139	35
Gastrointestinal	0.0167	
Gehirn	0.0125	
Haematopoetisch	0.0118	
Haut	0.0000	40
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0320	
Lunge	0.0361	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0247	45
Placenta	0.0121	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0251	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0136	
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0203	
Endokrines_Gewebe	0.0245	55
Foetal	0.0274	
Gastrointestinal	0.0122	
Haematopoetisch	0.0171	
Haut-Muskel	0.0648	
Hoden	0.0154	60
Lunge	0.0246	
Nerven	0.0211	
Prostata	0.0205	
Sinnesorgane	0.1316	
Uterus_n	0.0208	65

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0351	0.0307	1.1441	0.8741
	Brust	0.0422	0.0470	0.8983	1.1132
	Duennndarm	0.0491	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0839	0.0156	5.3725	0.1861
	Endokrines_Gewebe	0.0307	0.0351	0.8733	1.1451
10	Gastrointestinal	0.0192	0.0185	1.0354	0.9658
	Gehirn	0.0266	0.0185	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0257	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0194	0.2451	4.0800
15	Herz	0.0297	0.0550	0.5397	1.8529
	Hoden	0.0230	0.0117	1.9679	0.5082
	Lunge	0.0229	0.0184	1.2419	0.8052
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0230	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0291	0.0180	1.6181	0.6180
	Niere	0.0407	0.0205	1.9826	0.5044
20	Pankreas	0.0248	0.0718	0.3452	2.8971
	Penis	0.0449	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0414	0.0341	1.2156	0.8227
	Uterus_Endometrium	0.0270	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0686	0.0408	1.6834	0.5940
25	Uterus_allgemein	0.0407	0.0954	0.4270	2.3420
	Brust-Hyperplasie	0.0224			
	Prostata-Hyperplasie	0.0654			
	Samenblase	0.0445			
	Sinnesorgane	0.0470			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0477			
	Zervix	0.0426			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0278
	Gastrointestinal	0.0305
	Gehirn	0.1001
	Haematopoetisch	0.0039
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0260
	Herz-Blutgefuesse	0.0249
	Lunge	0.0542
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0247
	Placenta	0.0182
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.1130

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0680
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0759
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0250
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0114
	Haut-Muskel	0.0486
60	Hoden	0.0154
	Lunge	0.0491
	Nerven	0.0392
	Prostata	0.0342
	Sinnesorgane	0.3561
65	Uterus_n	0.0624

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0195	0.0204	0.9534	1.0489	
Brust	0.0128	0.0132	0.9722	1.0286	5
Duennndarm	0.0245	0.0165	1.4830	0.6743	
Eierstock	0.0569	0.0182	3.1248	0.3200	
Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0000	undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0211	0.0093	2.2779	0.4390	
Gehirn	0.0059	0.0144	0.4114	2.4307	10
Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0048	0.0129	0.3676	2.7200	
Herz	0.0021	0.0137	0.1542	6.4853	
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef	15
Lunge	0.0135	0.0102	1.3209	0.7571	
Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0307	0.6303	1.5866	
Muskel-Skelett	0.0137	0.0240	0.5711	1.7510	
Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610	
Pankreas	0.0066	0.0110	0.5983	1.6714	20
Penis	0.0269	0.0267	1.0108	0.9893	
Prostata	0.0523	0.0511	1.0236	0.9769	
Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0381	0.0068	5.6113	0.1782	
Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0032				
Prostata-Hyperplasie	0.0565				
Samenblase	0.0178				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0043				30
Zervix	0.0213				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0139	
Gehirn	0.0188	
Haematopoetisch	0.0039	
Haut	0.0000	
Hepatisch	0.0000	40
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0361	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0000	
Placenta	0.0061	45
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0272	
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0203	
Endokrines_Gewebe	0.0000	55
Foetal	0.0023	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0057	
Haut-Muskel	0.0292	
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0082	60
Nerven	0.0040	
Prostata	0.0615	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0250	65

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0128	0.6102	1.6389
	Brust	0.0153	0.0094	1.6333	0.6123
	Duennndarm	0.0123	0.0331	0.3707	2.6973
	Eierstock	0.0359	0.0052	6.9075	0.1448
	Endokrines_Gewebe	0.0307	0.0176	1.7466	0.5725
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0093	1.0354	0.9658
	Gehirn	0.0155	0.0185	0.8400	1.1905
	Haematopoetisch	0.0294	0.0379	0.7763	1.2881
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0194	0.0000	undef
	Herz	0.0297	0.0137	2.1587	0.4632
15	Hoden	0.0173	0.0234	0.7380	1.3551
	Lunge	0.0177	0.0245	0.7197	1.3894
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0230	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0154	0.0300	0.5140	1.9456
	Niere	0.0109	0.0205	0.5287	1.8915
20	Pankreas	0.0132	0.0221	0.5983	1.6714
	Penis	0.0269	0.1066	0.2527	3.9571
	Prostata	0.0174	0.0128	1.3648	0.7327
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0340	0.4489	2.2276
25	Uterus_allgemein	0.0204	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0267			
	Sinnesorgane	0.0353			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0390			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0417
	Gastrointestinal	0.0389
	Gehirn	0.0250
	Haematopoetisch	0.0275
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0498
	Lunge	0.0289
	Nebenniere	0.0254
45	Niere	0.0309
	Placenta	0.0121
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0251

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0101
55	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0029
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0032
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0100
	Prostata	0.0274
	Sinnesorgane	0.0232
65	Uterus_n	0.0042

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.2262	0.2019	1.1199	0.8929	
Brust	0.2315	0.2876	0.8051	1.2421	5
Duennndarm	0.2483	0.0992	2.5025	0.3996	
Eierstock	0.4463	0.1743	2.5603	0.3906	
Endokrines_Gewebe	0.1448	0.1304	1.1103	0.9007	
Gastrointestinal	0.1456	0.2637	0.5522	1.8109	
Gehirn	0.1183	0.2495	0.4740	2.1095	10
Haematopoetisch	0.2901	0.1515	1.9144	0.5224	
Haut	0.1909	0.9322	0.2048	4.8831	
Hepatisch	0.0856	0.3753	0.2282	4.3822	
Herz	0.1971	0.2199	0.8963	1.1157	
Hoden	0.0978	0.2923	0.3345	2.9892	15
Lunge	0.2223	0.2249	0.9884	1.0118	
Magen-Speiseroehre	0.1836	0.2147	0.8554	1.1691	
Muskel-Skelett	0.1542	0.4139	0.3725	2.6849	
Niere	0.1249	0.2944	0.4242	2.3575	
Pankreas	0.2131	0.1767	1.2059	0.8292	20
Penis	0.1916	0.1866	1.0269	0.9738	
Prostata	0.3226	0.2747	1.1744	0.8515	
Uterus_Endometrium	0.1892	0.4222	0.4481	2.2316	
Uterus_Myometrium	0.4040	0.3532	1.1438	0.8742	
Uterus_allgemein	0.3718	0.1908	1.9482	0.5133	25
Brust-Hyperplasie	0.2494				
Prostata-Hyperplasie	0.2557				
Samenblase	0.3382				
Sinnesorgane	0.1529				
Weisse_Blutkoerperchen	0.2064				30
Zervix	0.2449				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.2783	35
Gastrointestinal	0.4137	
Gehirn	0.4004	
Haematopoetisch	0.2045	
Haut	0.5025	
Hepatisch	0.0520	40
Herz-Blutgefuesse	0.4091	
Lunge	0.2962	
Nebenniere	0.2535	
Niere	0.3212	
Placenta	0.1757	45
Prostata	0.2244	
Sinnesorgane	0.0502	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.1429	
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.2177	
Endokrines_Gewebe	0.0000	55
Foetal	0.0530	
Gastrointestinal	0.0244	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0259	
Hoden	0.0386	
Lunge	0.0737	60
Nerven	0.0311	
Prostata	0.0752	
Sinnesorgane	0.0232	
Uterus_n	0.0416	65

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0102	0.7627	1.3111
	Brust	0.0294	0.0169	1.7391	0.5750
	Duenn darm	0.0307	0.0331	0.9268	1.0789
	Eierstock	0.0240	0.0078	3.0700	0.3257
	Endokrines_Gewebe	0.0153	0.0251	0.6113	1.6358
10	Gastrointestinal	0.0192	0.0370	0.5177	1.9316
	Gehirn	0.0333	0.0205	1.6199	0.6173
	Haematopoetisch	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0127	0.0137	0.9252	1.0809
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0249	0.0102	2.4386	0.4101
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0060	1.7133	0.5837
	Niere	0.0190	0.0205	0.9252	1.0808
20	Pankreas	0.0033	0.0110	0.2991	3.3428
	Penis	0.0389	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0414	0.0362	1.1441	0.8741
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445	0.4455
25	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0654			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0235			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
	Zervix	0.0213			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0139
	Gehirn	0.0250
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0142
	Lunge	0.0145
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0124
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0628

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0136
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0157
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0259
60	Hoden	0.0386
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0382
	Prostata	0.0342
	Sinnesorgane	0.0232
65	Uterus_n	0.0375

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0195	0.0307	0.6356	1.5733	
Brust	0.0115	0.0056	2.0416	0.4898	5
Duennndarm	0.0153	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0240	0.0052	4.6050	0.2172	
Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0226	0.1509	6.6250	
Gastrointestinal	0.0077	0.0000	undef	0.0000	
Gehirn	0.0288	0.0133	2.1599	0.4630	10
Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0143	0.0065	2.2059	0.4533	
Herz	0.0095	0.0137	0.6939	1.4412	
Hoden	0.0115	0.0234	0.4920	2.0326	15
Lunge	0.0073	0.0061	1.1854	0.8436	
Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000	
Muskel-Skelett	0.0069	0.0120	0.5711	1.7510	
Niere	0.0136	0.0000	undef	0.0000	
Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef	20
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0022	0.0064	0.3412	2.9308	
Uterus_Endometrium	0.0270	0.0528	0.5121	1.9526	
Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0128				
Prostata-Hyperplasie	0.0030				
Samenblase	0.0089				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0061				30
Zervix	0.0000				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0028	
Gehirn	0.0375	
Haematopoetisch	0.0157	
Haut	0.0000	
Hepatisch	0.0000	40
Herz-Blutgefuesse	0.0036	
Lunge	0.0072	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0124	
Placenta	0.0000	45
Prostata	0.0249	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0204	
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0051	
Endokrines_Gewebe	0.0000	55
Foetal	0.0070	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0114	
Haut-Muskel	0.0097	
Hoden	0.0000	60
Lunge	0.0082	
Nerven	0.0151	
Prostata	0.0205	
Sinnesorgane	0.0077	
Uterus_n	0.0083	65

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0051	3.0509	0.3278
	Brust	0.0153	0.0132	1.1666	0.8572
	Duennndarm	0.0031	0.0331	0.0927	10.7893
	Eierstock	0.0419	0.0130	3.2235	0.3102
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0150	0.5660	1.7667
10	Gastrointestinal	0.0172	0.0093	1.8638	0.5365
	Gehirn	0.0089	0.0103	0.8640	1.1575
	Haematopoetisch	0.0107	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0254	0.0412	0.6168	1.6213
	Hoden	0.0058	0.0234	0.2460	4.0652
	Lunge	0.0114	0.0061	1.8628	0.5368
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0383	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0120	0.4283	2.3347
	Niere	0.0217	0.0068	3.1722	0.3152
20	Pankreas	0.0116	0.0221	0.5235	1.9102
	Penis	0.0269	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0128	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445	0.4455
25	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0224			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0156			
	Zervix	0.0213			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0167
	Gehirn	0.0313
	Haematopoetisch	0.0079
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0253
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0247
	Placenta	0.0121
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.1595
	Eierstock_t	0.0253
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0093
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0097
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0246
	Nerven	0.0100
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0042

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.1443	0.2019	0.7144	1.3997	
Brust	0.1906	0.1842	1.0347	0.9665	5
Duennndarm	0.2054	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.4073	0.1639	2.4853	0.4024	
Endokrines_Gewebe	0.1329	0.1304	1.0189	0.9815	
Gastrointestinal	0.1839	0.2775	0.6627	1.5090	
Gehirn	0.0821	0.2434	0.3372	2.9656	10
Haematopoetisch	0.2219	0.0379	5.8579	0.1707	
Haut	0.1836	0.2542	0.7220	1.3850	
Hepatisch	0.0476	0.2911	0.1634	6.1200	
Herz	0.1802	0.1375	1.3107	0.7630	
Hoden	0.1266	0.2222	0.5697	1.7554	15
Lunge	0.1174	0.2229	0.5267	1.8987	
Magen-Speiseroehre	0.1546	0.2223	0.6955	1.4379	
Muskel-Skelett	0.1165	0.0780	1.4936	0.6695	
Niere	0.0706	0.2191	0.3222	3.1039	
Pankreas	0.1421	0.2154	0.6597	1.5159	20
Penis	0.1976	0.0800	2.4709	0.4047	
Prostata	0.1962	0.1725	1.1374	0.8792	
Uterus_Endometrium	0.2162	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.2515	0.2241	1.1223	0.8911	
Uterus_allgemein	0.2445	0.0954	2.5620	0.3903	25
Brust-Hyperplasie	0.2238				
Prostata-Hyperplasie	0.2943				
Samenblase	0.4183				
Sinnesorgane	0.0706				
Weisse_Blutkoerperchen	0.1179				30
Zervix	0.1810				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0278	35
Gastrointestinal	0.3193	
Gehirn	0.3378	
Haematopoetisch	0.2006	
Haut	0.0000	40
Hepatisch	0.0260	
Herz-Blutgefuesse	0.1565	
Lunge	0.2962	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.2286	45
Placenta	0.0606	
Prostata	0.1995	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0204	
Eierstock_n	0.1595	
Eierstock_t	0.1013	
Endokrines_Gewebe	0.0490	55
Foetal	0.0309	
Gastrointestinal	0.0610	
Haematopoetisch	0.2278	
Haut-Muskel	0.0713	
Hoden	0.0463	60
Lunge	0.0655	
Nerven	0.0291	
Prostata	0.1094	
Sinnesorgane	0.0155	
Uterus_n	0.0125	65

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0702	0.0895	0.7845	1.2747
	Brust	0.0333	0.0094	3.5387	0.2826
	Duenn darm	0.0184	0.0331	0.5561	1.7982
	Eierstock	0.0240	0.0052	4.6050	0.2172
10	Endokrines Gewebe	0.0136	0.0025	5.4340	0.1840
	Gastrointestinal	0.0153	0.0046	3.3134	0.3018
	Gehirn	0.0044	0.0062	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0220	0.0847	0.2599	3.8473
	Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800
	Herz	0.0297	0.0137	2.1587	0.4632
	Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	undef
20	Lunge	0.0187	0.0041	4.5723	0.2187
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0307	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0154	0.0300	0.5140	1.9456
	Niere	0.0081	0.0068	1.1896	0.8406
25	Pankreas	0.0083	0.0055	1.4957	0.6686
	Penis	0.0299	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0436	0.0170	2.5591	0.3908
	Uterus_Endometrium	0.0878	0.0528	1.6644	0.6008
30	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0340	0.8978	1.1138
	Uterus_allgemein	0.0509	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0416			
35	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.1278			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0861
	Gehirn	0.0188
	Haematopoetisch	0.0079
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0107
	Lunge	0.0253
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.2484
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0204
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0101
	Endokrines_Gewebe	0.0000
55	Foetal	0.0524
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0065
60	Hoden	0.0154
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0141
	Prostata	0.0068
65	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0167

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0273	0.0256	1.0678	0.9365	5
Brust	0.0269	0.0338	0.7939	1.2595	
Duennndarm	0.0153	0.0165	0.9268	1.0789	
Eierstock	0.0749	0.0338	2.2140	0.4517	10
Endokrines_Gewebe	0.0102	0.0251	0.4075	2.4537	
Gastrointestinal	0.0115	0.0000	undef	0.0000	
Gehirn	0.0244	0.0298	0.8193	1.2206	15
Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0624	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0095	0.0259	0.3676	2.7200	20
Herz	0.0148	0.0550	0.2698	3.7059	
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef	
Lunge	0.0166	0.0225	0.7390	1.3533	25
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef	
Muskel-Skelett	0.1285	0.0300	4.2833	0.2335	
Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000	30
Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285	
Penis	0.0180	0.0267	0.6739	1.4839	
Prostata	0.0022	0.0149	0.1462	6.8384	35
Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0204	0.3741	2.6732	
Uterus_allgemein	0.0306	0.0000	undef	0.0000	40
Brust-Hyperplasie	0.0128				
Prostata-Hyperplasie	0.0030				
Samenblase	0.0000				45
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				50
					55
					60
					65

FOETUS

%Haeufigkeit

Entwicklung	0.0139	35
Gastrointestinal	0.0083	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0039	40
Haut	0.0000	
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0000	45
Lunge	0.0108	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0247	50
Placenta	0.0606	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	55
		60
		65

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

%Haeufigkeit

Brust	0.0612	55
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0253	
Endokrines_Gewebe	0.0245	60
Foetal	0.0291	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	65
Haut-Muskel	0.0162	
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0082	70
Nerven	0.0120	
Prostata	0.0068	
Sinnesorgane	0.0000	75
Uterus_n	0.0167	

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0507	0.0230	2.2034	0.4538
	Brust	0.0307	0.0263	1.1666	0.8572
	Duennndarm	0.0337	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0300	0.0130	2.3025	0.4343
	Endokrines Gewebe	0.0153	0.0125	1.2226	0.8179
10	Gastrointestinal	0.0115	0.0278	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0200	0.0370	0.5400	1.8520
	Haematopoetisch	0.0321	0.0379	0.8469	1.1807
	Haut	0.0220	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0194	0.2451	4.0800
15	Herz	0.0392	0.0962	0.4075	2.4539
	Hoden	0.0230	0.0234	0.9839	1.0163
	Lunge	0.0301	0.0286	1.0524	0.9502
	Magen-Speiseroehre	0.0387	0.0690	0.5602	1.7850
	Muskel-Skelett	0.0325	0.0660	0.4932	2.0275
20	Niere	0.0190	0.0068	2.7756	0.3603
	Pankreas	0.0050	0.1104	0.0449	22.2855
	Penis	0.0299	0.0533	0.5616	1.7807
	Prostata	0.0196	0.0149	1.3161	0.7598
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0534	0.0068	7.8559	0.1273
25	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0160			
	Prostata-Hyperplasie	0.0238			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0353			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0477			
	Zervix	0.0426			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0278
	Gastrointestinal	0.0333
	Gehirn	0.0375
	Haematopoetisch	0.0236
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0107
	Lunge	0.0434
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0247
	Placenta	0.0727
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0476
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0203
55	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0082
	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0114
	Haut-Muskel	0.0292
60	Hoden	0.0309
	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0120
	Prostata	0.0137
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0375

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0195	0.0051	3.8136 0.2622	5
Brust	0.0179	0.0094	1.9055 0.5248	
Duennndarm	0.0092	0.0165	0.5561 1.7982	
Eierstock	0.0329	0.0104	3.1660 0.3159	
Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0075	1.8113 0.5521	
Gastrointestinal	0.0057	0.0046	1.2425 0.8048	
Gehirn	0.0170	0.0205	0.8280 1.2078	10
Haematopoetisch	0.0107	0.0758	0.1412 7.0845	
Haut	0.0184	0.0847	0.2166 4.6168	
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000 undef	
Herz	0.0106	0.0000	undef 0.0000	
Hoden	0.0288	0.0000	undef 0.0000	15
Lunge	0.0052	0.0082	0.6350 1.5747	
Magen-Speiserohre	0.0387	0.0077	5.0421 0.1983	
Muskel-Skelett	0.0171	0.0000	undef 0.0000	
Niere	0.0081	0.0137	0.5948 1.6813	
Pankreas	0.0000	0.0110	0.0000 undef	20
Penis	0.0150	0.0267	0.5616 1.7807	
Prostata	0.0174	0.0149	1.1699 0.8548	
Uterus_Endometrium	0.0270	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0340	0.0000 undef	
Uterus_allgemein	0.0357	0.0954	0.3736 2.6765	25
Brust-Hyperplasie	0.0096			
Prostata-Hyperplasie	0.0059			
Samenblase	0.0089			
Sinnesorgane	0.0118			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			30
Zervix	0.0213			

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0167	
Gehirn	0.0250	
Haematopoetisch	0.0157	
Haut	0.0000	
Hepatisch	0.0000	40
Herz-Blutgefuesse	0.0036	
Lunge	0.0072	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0185	
Placenta	0.0061	45
Prostata	0.0249	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0544	
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0101	
Endokrines_Gewebe	0.0000	55
Foetal	0.0181	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0114	
Haut-Muskel	0.0292	
Hoden	0.0309	
Lunge	0.0164	60
Nerven	0.0241	
Prostata	0.0068	
Sinnesorgane	0.0619	
Uterus_n	0.0291	65

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0256	0.4576	2.1852
	Brust	0.0192	0.0094	2.0416	0.4898
	Duenn darm	0.0245	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0419	0.0208	2.0147	0.4964
	Endokrines Gewebe	0.1022	0.0201	5.0944	0.1963
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0046	2.0708	0.4829
	Gehirn	0.0510	0.0267	1.9107	0.5234
	Haematopoetisch	0.0094	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0367	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0476	0.0065	7.3530	0.1360
15	Herz	0.0191	0.0137	1.3878	0.7206
	Hoden	0.0115	0.0117	0.9839	1.0163
	Lunge	0.0114	0.0184	0.6209	1.6105
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0153	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.0223	0.0060	3.7122	0.2694
20	Niere	0.0516	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0083	0.0387	0.2137	4.6800
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0240	0.0170	1.4075	0.7105
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445	0.4455
25	Uterus_allgemein	0.0051	0.0954	0.0534	18.7357
	Brust-Hyperplasie	0.0160			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0278
	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0275
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0260
	Herz-Blutgefasse	0.0178
	Lunge	0.0145
	Nebenniere	0.0507
45	Niere	0.0124
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0251

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0272
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0262
	Gastrointestinal	0.0488
	Haematopoetisch	0.0683
	Haut-Muskel	0.0518
60	Hoden	0.0077
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0181
	Prostata	0.0274
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0291

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0312	0.0230	1.3559 0.7375	5
Brust	0.0435	0.0376	1.1569 0.8644	
Duennndarm	0.0399	0.0000	undef 0.0000	
Eierstock	0.1587	0.0182	8.7167 0.1147	
Endokrines_Gewebe	0.0290	0.0050	5.7736 0.1732	
Gastrointestinal	0.0249	0.0231	1.0768 0.9286	10
Gehirn	0.0237	0.1551	0.1526 6.5542	
Haematopoetisch	0.0281	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0477	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0238	0.0065	3.6765 0.2720	
Herz	0.0276	0.2749	0.1002 9.9774	15
Hoden	0.0230	0.0117	1.9679 0.5082	
Lunge	0.0239	0.0184	1.2983 0.7702	
Magen-Speiserohre	0.0290	0.0767	0.3782 2.6444	
Muskel-Skelett	0.0325	0.0180	1.8085 0.5529	
Niere	0.0706	0.0068	10.3095 0.0970	20
Pankreas	0.0132	0.0497	0.2659 3.7607	
Penis	0.1228	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0392	0.0277	1.4173 0.7056	
Uterus_Endometrium	0.1081	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Myometrium	0.1296	0.1223	1.0599 0.9435	25
Uterus_allgemein	0.0968	0.0000	undef 0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0256			
Prostata-Hyperplasie	0.0386			
Samenblase	0.0089			
Sinnesorgane	0.0353			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			30
Zervix	0.1384			

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0278	35
Gastrointestinal	0.0389	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0079	
Haut	0.0000	40
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0071	
Lunge	0.0506	
Nebenniere	0.0254	
Niere	0.0309	45
Placenta	0.0485	
Prostata	0.1247	
Sinnesorgane	0.0251	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0204	50
Eierstock_n	0.3190	
Eierstock_t	0.0051	
Endokrines_Gewebe	0.0490	55
Foetal	0.0157	
Gastrointestinal	0.0488	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0162	
Hoden	0.0000	60
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0191	
Prostata	0.0205	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0167	65

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0153	0.7627	1.3111
	Brust	0.0192	0.0357	0.5373	1.8613
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0270	0.0078	3.4538	0.2895
	Endokrines_Gewebe	0.0170	0.0251	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0185	0.3106	3.2193
	Gehirn	0.0044	0.0123	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0040	0.0379	0.1059	9.4460
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0259	0.1838	5.4400
15	Herz	0.0138	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0173	0.0468	0.3690	2.7102
	Lunge	0.0125	0.0102	1.2193	0.8202
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0153	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.0171	0.0060	2.8555	0.3502
20	Niere	0.0136	0.0068	1.9826	0.5044
	Pankreas	0.0066	0.0110	0.5983	1.6714
	Penis	0.0060	0.0533	0.1123	8.9035
	Prostata	0.0262	0.0213	1.2284	0.8141
	Uterus_Endometrium	0.0270	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0408	0.1870	5.3463
25	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0160			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0121			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0111
	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0197
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0285
	Lunge	0.0253
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0124
	Placenta	0.0182
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.1595
	Eierstock_t	0.0203
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0198
	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0713
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0328
	Nerven	0.0120
	Prostata	0.0137
	Sinnesorgane	0.0155
65	Uterus_n	0.0042

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0975	0.0818	1.1918	0.8391	5
Brust	0.0640	0.0470	1.3611	0.7347	
Duennndarm	0.0460	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0958	0.0130	7.3680	0.1357	10
Endokrines_Gewebe	0.0238	0.0276	0.8645	1.1567	
Gastrointestinal	0.0249	0.0185	1.3461	0.7429	
Gehirn	0.0185	0.0370	0.5000	2.0001	15
Haematopoetisch	0.0147	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0571	0.0194	2.9412	0.3400	20
Herz	0.0392	0.1649	0.2377	4.2067	
Hoden	0.0690	0.0117	5.9037	0.1694	
Lunge	0.0301	0.0286	1.0524	0.9502	25
Magen-Speiserohre	0.0193	0.0383	0.5042	1.9833	
Muskel-Skelett	0.0617	0.0480	1.2850	0.7782	
Niere	0.0299	0.0274	1.0904	0.9171	30
Pankreas	0.0066	0.0939	0.0704	14.2070	
Penis	0.0659	0.0267	2.4709	0.4047	
Prostata	0.0349	0.0234	1.4889	0.6716	35
Uterus_Endometrium	0.0541	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0686	0.0679	1.0100	0.9901	
Uterus_allgemein	0.0815	0.0000	undef	0.0000	40
Brust-Hyperplasie	0.0352				
Prostata-Hyperplasie	0.0149				
Samenblase	0.0801				45
Sinnesorgane	0.0353				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0639				50
					55
					60
					65

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0128	0.3051	3.2777
	Brust	0.0269	0.0263	1.0208	0.9796
	Duennndarm	0.0061	0.0496	0.1236	8.0920
	Eierstock	0.0240	0.0052	4.6050	0.2172
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0139	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0074	0.0103	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0094	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0734	0.0847	0.8664	1.1542
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0095	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0234	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0125	0.0102	1.2193	0.8202
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0153	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0360	0.2856	3.5020
	Niere	0.0109	0.0068	1.5861	0.6305
20	Pankreas	0.0083	0.0166	0.4986	2.0057
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0153	0.0043	3.5827	0.2791
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0272	0.8417	1.1881
25	Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0224			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0139
	Gehirn	0.0188
	Haematopoetisch	0.0039
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0178
	Lunge	0.0108
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0185
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0041
	Gastrointestinal	0.0366
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0130
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0246
	Nerven	0.0151
	Prostata	0.0137
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0167

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.5264	0.1534	3.4322	0.2914	
Brust	0.0026	0.0019	1.3611	0.7347	5
Duenndarm	0.2575	0.0496	5.1903	0.1927	
Eierstock	0.0449	0.0052	8.6344	0.1158	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef	
Gastrointestinal	0.2395	0.0416	5.7524	0.1738	
Gehirn	0.0022	0.0000	undef	0.0000	10
Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0428	0.0776	0.5515	1.8133	
Herz	0.2353	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0403	0.0000	undef	0.0000	15
Lunge	0.0519	0.0041	12.7009	0.0787	
Magen-Speiserohre	0.4252	0.2070	2.0542	0.4868	
Muskel-Skelett	0.2090	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000	
Pankreas	0.0050	0.0828	0.0598	16.7142	20
Penis	0.4042	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.2659	0.1767	1.5046	0.6646	
Uterus_Endometrium	0.1959	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.3659	0.1834	1.9951	0.5012	
Uterus_allgemein	0.3056	0.0000	undef	0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.1784				
Samenblase	0.3204				
Sinnesorgane	0.0118				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				30
Zervix	0.1384				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				35
Gastrointestinal	0.1194				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0039				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0818				
Lunge	0.0072				
Nebenniere	0.0761				
Niere	0.0185				45
Placenta	0.0061				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0204				50
Eierstock_n	0.1595				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0245				55
Foetal	0.0134				
Gastrointestinal	0.1587				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0154				60
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0274				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0666				65

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0858	0.0358	2.3971	0.4172
	Brust	0.0409	0.0432	0.9468	1.0562
	Duennndarm	0.0705	0.0165	4.2635	0.2345
	Eierstock	0.0569	0.0208	2.7342	0.3657
	Endokrines_Gewebe	0.0273	0.0376	0.7245	1.3802
10	Gastrointestinal	0.0632	0.0093	6.8338	0.1463
	Gehirn	0.0806	0.1017	0.7927	1.2615
	Haematopoetisch	0.0374	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0367	0.0847	0.4332	2.3084
	Hepatisch	0.0285	0.0323	0.8824	1.1333
15	Herz	0.0201	0.0687	0.2930	3.4133
	Hoden	0.1381	0.0234	5.9037	0.1694
	Lunge	0.0488	0.0266	1.8367	0.5444
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0460	0.2101	4.7599
	Muskel-Skelett	0.0617	0.0540	1.1422	0.8755
20	Niere	0.0326	0.0274	1.1896	0.8406
	Pankreas	0.0149	0.1049	0.1417	7.0571
	Penis	0.0539	0.0800	0.6739	1.4839
	Prostata	0.0785	0.0383	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0534	0.0204	2.6186	0.3819
25	Uterus_allgemein	0.0407	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0565			
	Samenblase	0.0890			
	Sinnesorgane	0.0470			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0260			
	Zervix	0.0745			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0333
	Gehirn	0.0313
	Haematopoetisch	0.0118
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0062
	Placenta	0.0364
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0680
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.1671
55	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0116
	Gastrointestinal	0.0366
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0032
60	Hoden	0.0154
	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0241
	Prostata	0.0410
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0000	0.0102	0.0000 undef	5
Brust	0.0090	0.0207	0.4331 2.3091	
Duennndarm	0.0061	0.0000	undef 0.0000	
Eierstock	0.0270	0.0000	undef 0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0125	0.4075 2.4537	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef undef	
Gehirn	0.0000	0.0031	0.0000 undef	10
Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef	
Herz	0.0011	0.0000	undef 0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef undef	15
Lunge	0.0010	0.0164	0.0635 15.7470	
Magen-Speiserohre	0.0290	0.0077	3.7816 0.2644	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000 undef	
Niere	0.0109	0.0000	undef 0.0000	
Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000 undef	20
Penis	0.0030	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0022	0.0128	0.1706 5.8615	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef undef	
Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef 0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.0030			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			30
Zervix	0.0000			

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0139	35
Gastrointestinal	0.0028	
Gehirn	0.0063	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut	0.0000	
Hepatisch	0.0000	40
Herz-Blutgefuesse	0.0285	
Lunge	0.0108	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0000	
Placenta	0.0000	45
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0253	
Endokrines_Gewebe	0.0000	55
Foetal	0.0029	
Gastrointestinal	0.0122	
Haematopoetisch	0.0057	
Haut-Muskel	0.0032	
Hoden	0.0000	60
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0020	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0000	65

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0702	0.0307	2.2882	0.4370
	Brust	0.0281	0.0226	1.2476	0.8015
	Duennndarm	0.0491	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0359	0.0052	6.9075	0.1448
	Endokrines_Gewebe	0.0255	0.0176	1.4555	0.6870
10	Gastrointestinal	0.0402	0.0185	2.1744	0.4599
	Gehirn	0.0207	0.0277	0.7466	1.3394
	Haematopoetisch	0.0094	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0587	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0143	0.0453	0.3151	3.1733
15	Herz	0.0403	0.0412	0.9766	1.0240
	Hoden	0.0173	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0322	0.0204	1.5749	0.6350
	Magen-Speiserohre	0.0966	0.0383	2.5211	0.3967
	Muskel-Skelett	0.0154	0.0060	2.5700	0.3891
20	Niere	0.0136	0.0205	0.6609	1.5132
	Pankreas	0.0330	0.0110	2.9915	0.3343
	Penis	0.2036	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0567	0.0341	1.6634	0.6012
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.1067	0.0543	1.9640	0.5092
25	Uterus_allgemein	0.0509	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0535			
	Samenblase	0.0267			
	Sinnesorgane	0.0235			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0213			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0194
	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0079
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefasse	0.0249
	Lunge	0.0361
	Nebenniere	0.0254
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0121
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0076
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0285
	Haut-Muskel	0.0194
60	Hoden	0.0154
	Lunge	0.0328
	Nerven	0.0020
	Prostata	0.0137
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0042

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0026	6.1018	0.1639	5
Brust	0.0064	0.0094	0.6805	1.4694	
Duennndarm	0.0184	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0210	0.0000	undef	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0290	0.0376	0.7698	1.2990	10
Gastrointestinal	0.0057	0.0231	0.2485	4.0241	
Gehirn	0.0096	0.0133	0.7200	1.3890	
Haematopoetisch	0.0160	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	15
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0138	0.0137	1.0023	0.9977	
Hoden	0.0115	0.0117	0.9839	1.0163	
Lunge	0.0104	0.0061	1.6934	0.5905	20
Magen-Speiserohre	0.0193	0.0077	2.5211	0.3967	
Muskel-Skelett	0.0086	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0271	0.0000	undef	0.0000	
Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000	25
Penis	0.0240	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0087	0.0128	0.6824	1.4654	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0136	0.5611	1.7821	30
Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0032				
Prostata-Hyperplasie	0.0178				
Samenblase	0.0178				35
Sinnesorgane	0.0118				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0095				
Zervix	0.0000				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0056	
Gehirn	0.0063	
Haematopoetisch	0.0039	
Haut	0.0000	40
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0036	
Lunge	0.0036	
Nebenniere	0.0000	45
Niere	0.0185	
Placenta	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0136	50
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0087	55
Gastrointestinal	0.0122	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0130	
Hoden	0.0077	60
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0141	
Prostata	0.0274	
Sinnesorgane	0.0077	65
Uterus_n	0.0167	

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0383	0.4068	2.4583
	Brust	0.0563	0.0226	2.4953	0.4008
	Duennndarm	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0389	0.0026	14.9663	0.0668
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0075	0.9057	1.1042
10	Gastrointestinal	0.0211	0.0093	2.2779	0.4390
	Gehirn	0.0170	0.0236	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0661	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0170	0.0137	1.2336	0.8107
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0197	0.0102	1.9305	0.5180
	Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0163	0.0342	0.4758	2.1016
	Pankreas	0.0099	0.0221	0.4487	2.2286
	Penis	0.0629	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0501	0.0192	2.6159	0.3823
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0534	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0458	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0288			
	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
	Samenblase	0.0623			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0136
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0051
55	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0006
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0154
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0030
	Prostata	0.0205
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0042

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0000	0.0026	0.0000 undef	5
Brust	0.0051	0.0038	1.3611 0.7347	
Duennndarm	0.0031	0.0000	undef 0.0000	
Eierstock	0.0150	0.0000	undef 0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0050	1.0189 0.9815	
Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef 0.0000	
Gehirn	0.0000	0.0021	0.0000 undef	10
Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0073	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000 undef	
Herz	0.0032	0.0000	undef 0.0000	
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000 undef	15
Lunge	0.0042	0.0061	0.6774 1.4763	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000 undef	
Niere	0.0081	0.0000	undef 0.0000	
Pankreas	0.0017	0.0000	undef 0.0000	20
Penis	0.0000	0.0000	undef undef	
Prostata	0.0022	0.0064	0.3412 2.9308	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0457	0.0204	2.2445 0.4455	
Uterus_allgemein	0.0000	0.1908	0.0000 undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0032			
Prostata-Hyperplasie	0.0030			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0118			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			30
Zervix	0.0000			
FOETUS				
	%Haeufigkeit			35
Entwicklung	0.0000			
Gastrointestinal	0.0028			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0039			
Haut	0.0000			40
Hepatisch	0.0000			
Herz-Blutgefuesse	0.0107			
Lunge	0.0072			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0124			45
Placenta	0.0121			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0126			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit			50
Brust	0.0000			
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0000			
Endokrines_Gewebe	0.0000			55
Foetal	0.0023			
Gastrointestinal	0.0122			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0000			
Hoden	0.0000			60
Lunge	0.0000			
Nerven	0.0000			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Uterus_n	0.0042			65

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0234	0.0409	0.5720	1.7481
	Brust	0.0141	0.0282	0.4991	2.0038
	Duenndarm	0.0245	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0479	0.0104	4.6050	0.2172
	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0100	1.1887	0.8413
10	Gastrointestinal	0.0134	0.0093	1.4496	0.6898
	Gehirn	0.0126	0.0164	0.7650	1.3073
	Haematopoetisch	0.0160	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0095	0.0137	0.6939	1.4412
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0104	0.0061	1.6934	0.5905
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0230	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0120	0.7139	1.4008
20	Niere	0.0136	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0050	0.0221	0.2244	4.4571
	Penis	0.0090	0.0267	0.3369	2.9678
	Prostata	0.0196	0.0298	0.6580	1.5197
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0610	0.0136	4.4891	0.2228
	Uterus_allgemein	0.0204	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0160			
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0130			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0361
	Gehirn	0.0188
	Haematopoetisch	0.0315
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0260
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0289
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0124
	Placenta	0.0121
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0408
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.1316
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0105
	Gastrointestinal	0.0488
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0356
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0151
	Prostata	0.0205
	Sinnesorgane	0.0077
65	Uterus_n	0.0125

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0507	0.1150	0.4407 2.2692	5
Brust	0.1484	0.1184	1.2530 0.7981	
Duenndarm	0.0858	0.0992	0.8651 1.1560	
Eierstock	0.2486	0.1119	2.2222 0.4500	
Endokrines_Gewebe	0.0630	0.0627	1.0053 0.9947	
Gastrointestinal	0.1073	0.1665	0.6443 1.5522	10
Gehirn	0.0569	0.1397	0.4076 2.4532	
Haematopoetisch	0.1430	0.0758	1.8879 0.5297	
Haut	0.1358	0.0847	1.6028 0.6239	
Hepatisch	0.0238	0.1035	0.2298 4.3520	
Herz	0.0837	0.0550	1.5227 0.6567	
Hoden	0.1093	0.0935	1.1684 0.8558	15
Lunge	0.0831	0.0900	0.9237 1.0826	
Magen-Speiserohre	0.0676	0.1150	0.5882 1.7000	
Muskel-Skelett	0.0582	0.1320	0.4413 2.2660	
Niere	0.0597	0.0548	1.0904 0.9171	
Pankreas	0.0760	0.0994	0.7645 1.3081	20
Penis	0.0779	0.0533	1.4601 0.6849	
Prostata	0.1482	0.1256	1.1798 0.8476	
Uterus_Endometrium	0.0878	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0915	0.0272	3.3668 0.2970	
Uterus_allgemein	0.1273	0.0000	undef 0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0671			
Prostata-Hyperplasie	0.0892			
Samenblase	0.1157			
Sinnesorgane	0.0941			
Weisse_Blutkoerperchen	0.1275			30
Zervix	0.0852			
FOETUS				
	%Haeufigkeit			35
Entwicklung	0.0278			
Gastrointestinal	0.0916			
Gehirn	0.1314			
Haematopoetisch	0.0669			
Haut	0.0000			40
Hepatisch	0.0520			
Herz-Blutgefuesse	0.0676			
Lunge	0.1445			
Nebenniere	0.0761			
Niere	0.1112			45
Placenta	0.1091			
Prostata	0.0997			
Sinnesorgane	0.0502			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit			50
Brust	0.0408			
Eierstock_n	0.1595			
Eierstock_t	0.1063			
Endokrines_Gewebe	0.0245			55
Foetal	0.0367			
Gastrointestinal	0.0000			
Haematopoetisch	0.0285			
Haut-Muskel	0.0421			
Hoden	0.0463			60
Lunge	0.1147			
Nerven	0.0131			
Prostata	0.0410			
Sinnesorgane	0.0077			
Uterus_n	0.0624			65

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0204	0.7627	1.3111
	Brust	0.0166	0.0244	0.6805	1.4694
	Duenn darm	0.0307	0.0165	1.8537	0.5395
	Eierstock	0.0389	0.0078	4.9888	0.2004
	Endokrines_Gewebe	0.0102	0.0025	4.0755	0.2454
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0139	0.6903	1.4487
	Gehirn	0.0089	0.0123	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0159	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0230	0.0234	0.9839	1.0163
	Lunge	0.0218	0.0184	1.1854	0.8436
	Magen-Speiserohre	0.0387	0.0383	1.0084	0.9916
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0180	0.6663	1.5009
	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas	0.0132	0.0552	0.2393	4.1785
	Penis	0.0060	0.0267	0.2246	4.4517
	Prostata	0.0153	0.0021	7.1654	0.1396
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0136	0.5611	1.7821
25	Uterus_allgemein	0.0204	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0470			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0243			
	Zervix	0.0213			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0222
	Gehirn	0.0188
	Haematopoetisch	0.0315
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0260
	Herz-Blutgefuesse	0.0178
	Lunge	0.0253
	Nebenniere	0.0254
45	Niere	0.0062
	Placenta	0.0242
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0612
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.1013
55	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0262
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0114
	Haut-Muskel	0.0486
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0246
	Nerven	0.0030
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0155
65	Uterus_n	0.0458

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	
Brust	0.0166	0.0056	2.9490	0.3391	5
Duennndarm	0.0061	0.0165	0.3707	2.6973	
Eierstock	0.0240	0.0026	9.2101	0.1086	
Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0125	0.2717	3.6805	
Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000	
Gehirn	0.0044	0.0123	0.3600	2.7779	10
Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0011	0.0137	0.0771	12.9706	
Hoden	0.0230	0.0000	undef	0.0000	15
Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000	
Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020	
Niere	0.0136	0.0000	undef	0.0000	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Penis	0.0090	0.0267	0.3369	2.9678	
Prostata	0.0044	0.0106	0.4095	2.4423	
Uterus_Endometrium	0.0473	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911	
Uterus_allgemein	0.0611	0.0000	undef	0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0128				
Prostata-Hyperplasie	0.0030				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				30
Zervix	0.0000				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0139	35
Gastrointestinal	0.0056	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut	0.0000	
Hepatisch	0.0000	40
Herz-Blutgefuesse	0.0036	
Lunge	0.0000	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0000	
Placenta	0.0061	45
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0126	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0068	
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0245	55
Foetal	0.0122	
Gastrointestinal	0.0122	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0065	
Hoden	0.0000	60
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0070	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0077	
Uterus_n	0.0291	65

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0077	1.5254	0.6555
	Brust	0.0269	0.0094	2.8582	0.3499
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0210	0.0104	2.0147	0.4964
10	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0025	3.3962	0.2944
	Gastrointestinal	0.0057	0.0046	1.2425	0.8048
	Gehirn	0.0399	0.0257	1.5551	0.6430
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0032	0.0275	0.1156	8.6471
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
20	Lunge	0.0280	0.0082	3.4292	0.2916
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0137	0.0180	0.7615	1.3133
	Niere	0.0081	0.0137	0.5948	1.6813
25	Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.1314
	Haematopoetisch	0.0157
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0107
	Lunge	0.0181
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0126

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
55	Foetal	0.0082
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0356
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0181
	Prostata	0.0068
65	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0975	0.0409	2.3835	0.4196	5
Brust	0.0217	0.0038	5.7845	0.1729	
Duenndarm	0.0521	0.0496	1.0504	0.9520	
Eierstock	0.0120	0.0000	undef	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef	10
Gastrointestinal	0.0307	0.0000	undef	0.0000	
Gehirn	0.0081	0.0041	1.9799	0.5051	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	15
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0223	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0115	0.0117	0.9839	1.0163	
Lunge	0.0021	0.0061	0.3387	2.9526	20
Magen-Speiseroehre	0.1160	0.0383	3.0253	0.3305	
Muskel-Skelett	0.0223	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000	25
Penis	0.0928	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0283	0.0170	1.6634	0.6012	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0381	0.0408	0.9352	1.0693	30
Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0288				
Prostata-Hyperplasie	0.0178				
Samenblase	0.0445				35
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0111	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut	0.0000	40
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0036	
Lunge	0.0000	
Nebenniere	0.0000	45
Niere	0.0000	
Placenta	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	50
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0017	55
Gastrointestinal	0.0122	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0000	60
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0020	
Prostata	0.0068	
Sinnesorgane	0.0000	65
Uterus_n	0.0291	

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0051	2.2882	0.4370
	Brust	0.0051	0.0038	1.3611	0.7347
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0240	0.0052	4.6050	0.2172
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0100	0.1698	5.8889
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0046	1.6567	0.6036
	Gehirn	0.0022	0.0051	0.4320	2.3149
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0115	0.0234	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0073	0.0020	3.5562	0.2812
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
20	Pankreas	0.0033	0.0110	0.2991	3.3428
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0043	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0278
	Gastrointestinal	0.0111
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0079
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0145
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0047
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0228
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0077
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0100
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0125

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0117	0.0204	0.5720	1.7481	
Brust	0.0102	0.0169	0.6049	1.6531	5
Duennndarm	0.0061	0.0165	0.3707	2.6973	
Eierstock	0.0180	0.0000	undef	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0201	0.6792	1.4722	
Gastrointestinal	0.0115	0.0278	0.4142	2.4145	
Gehirn	0.0118	0.0133	0.8861	1.1285	10
Haematopoetisch	0.0107	0.0379	0.2823	3.5422	
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0048	0.0194	0.2451	4.0800	
Herz	0.0138	0.0137	1.0023	0.9977	
Hoden	0.0058	0.0351	0.1640	6.0979	15
Lunge	0.0073	0.0041	1.7781	0.5624	
Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0307	0.3151	3.1733	
Muskel-Skelett	0.0154	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610	
Pankreas	0.0083	0.0055	1.4957	0.6686	20
Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0109	0.0213	0.5118	1.9538	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0534	0.0204	2.6186	0.3819	
Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0096				
Prostata-Hyperplasie	0.0238				
Samenblase	0.0089				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0069				30
Zervix	0.0106				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0139				35
Gastrointestinal	0.0139				
Gehirn	0.0188				
Haematopoetisch	0.0118				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0260				40
Herz-Blutgefuesse	0.0036				
Lunge	0.0072				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0247				
Placenta	0.0061				45
Prostata	0.0249				
Sinnesorgane	0.0251				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0204				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0051				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0012				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0114				
Haut-Muskel	0.0032				
Hoden	0.0000				60
Lunge	0.0082				
Nerven	0.0080				
Prostata	0.0137				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0167				65

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0150	0.0026	5.7563	0.1737
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0274	0.0144	1.9027	0.5256
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0041	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0043	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0188
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0072
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0182
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0050
	Prostata	0.0137
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.3081	0.1048	2.9393	0.3402	
Brust	0.0691	0.0432	1.5978	0.6259	5
Duennndarm	0.0889	0.0165	5.3757	0.1860	
Eierstock	0.0809	0.0286	2.8258	0.3539	
Endokrines_Gewebe	0.0153	0.0226	0.6792	1.4722	
Gastrointestinal	0.1552	0.0231	6.7095	0.1490	
Gehirn	0.0503	0.0257	1.9583	0.5106	10
Haematopoetisch	0.0201	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0257	0.0847	0.3032	3.2977	
Hepatisch	0.0285	0.0065	4.4118	0.2267	
Herz	0.0477	0.0275	1.7347	0.5765	
Hoden	0.0288	0.0000	undef	0.0000	15
Lunge	0.0280	0.0184	1.5241	0.6561	
Magen-Speiserohre	0.2126	0.1303	1.6313	0.6130	
Muskel-Skelett	0.0171	0.0180	0.9518	1.0506	
Niere	0.0244	0.0274	0.8922	1.1209	
Pankreas	0.0149	0.0221	0.6731	1.4857	20
Penis	0.2395	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.2288	0.1277	1.7913	0.5582	
Uterus_Endometrium	0.2230	0.1583	1.4084	0.7101	
Uterus_Myometrium	0.3354	0.2989	1.1223	0.8911	
Uterus_allgemein	0.2852	0.0000	undef	0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0512				
Prostata-Hyperplasie	0.1397				
Samenblase	0.6943				
Sinnesorgane	0.0118				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0026				30
Zervix	0.1704				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0139	35
Gastrointestinal	0.0417	
Gehirn	0.0188	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut	0.2513	
Hepatisch	0.0000	40
Herz-Blutgefuesse	0.0071	
Lunge	0.0434	
Nebenniere	0.0254	
Niere	0.0000	
Placenta	0.0182	45
Prostata	0.0997	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0408	
Eierstock_n	0.1595	
Eierstock_t	0.0304	
Endokrines_Gewebe	0.0245	55
Foetal	0.0064	
Gastrointestinal	0.0732	
Haematopoetisch	0.0057	
Haut-Muskel	0.0032	
Hoden	0.0154	60
Lunge	0.0328	
Nerven	0.0281	
Prostata	0.0205	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0833	65

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0000	0.0038	0.0000	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0037	0.0010	3.5998	0.2778
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0085	0.2559	3.9077
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0111
	Gehirn	0.0125
	Haematopoetisch	0.0079
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0071
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0017
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0342
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0060
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0312	0.0230	1.3559 0.7375	5
Brust	0.0128	0.0075	1.7013 0.5878	
Duennndarm	0.0031	0.0000	undef 0.0000	
Eierstock	0.0270	0.0052	5.1807 0.1930	
Endokrines_Gewebe	0.0153	0.0201	0.7642 1.3086	
Gastrointestinal	0.0172	0.0046	3.7275 0.2683	10
Gehirn	0.0111	0.0133	0.8307 1.2038	
Haematopoetisch	0.0187	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0110	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353 1.3600	
Herz	0.0138	0.0000	undef 0.0000	15
Hoden	0.0058	0.0351	0.1640 6.0979	
Lunge	0.0166	0.0061	2.7095 0.3691	
Magen-Speiserohre	0.0387	0.0077	5.0421 0.1983	
Muskel-Skelett	0.0069	0.0120	0.5711 1.7510	
Niere	0.0163	0.0205	0.7930 1.2610	20
Pankreas	0.0083	0.0055	1.4957 0.6686	
Penis	0.0060	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0109	0.0128	0.8530 1.1723	
Uterus_Endometrium	0.0270	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000 undef	25
Uterus_allgemein	0.0357	0.0000	undef 0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0192			
Prostata-Hyperplasie	0.0089			
Samenblase	0.0178			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0173			30
Zervix	0.0106			

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0083	
Gehirn	0.0125	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut	0.0000	40
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefasse	0.0071	
Lunge	0.0217	
Nebenniere	0.0254	
Niere	0.0124	45
Placenta	0.0182	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	50
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0051	55
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0047	
Gastrointestinal	0.0244	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0194	60
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0082	
Nerven	0.0131	
Prostata	0.0274	
Sinnesorgane	0.0155	65
Uterus_n	0.0167	

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.1365	0.0511	2.6695	0.3746
	Brust	0.1509	0.0583	2.5904	0.3860
	Duenn darm	0.0552	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0449	0.0130	3.4538	0.2895
	Endokrines_Gewebe	0.0443	0.0301	1.4717	0.6795
10	Gastrointestinal	0.0728	0.0185	3.9346	0.2542
	Gehirn	0.0554	0.0770	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0361	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.1138	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0190	0.0776	0.2451	4.0800
15	Herz	0.0699	0.0412	1.6961	0.5896
	Hoden	0.0173	0.0351	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0343	0.0082	4.1913	0.2386
	Magen-Speiserohre	0.0580	0.0537	1.0805	0.9255
	Muskel-Skelett	0.0891	0.0480	1.8561	0.5388
20	Niere	0.0136	0.0137	0.9913	1.0088
	Pankreas	0.0165	0.0221	0.7479	1.3371
	Penis	0.1886	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0632	0.0255	2.4738	0.4042
	Uterus_Endometrium	0.0338	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.1067	0.0679	1.5712	0.6365
	Uterus_allgemein	0.1171	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.1087			
	Prostata-Hyperplasie	0.0357			
	Samenblase	0.0445			
	Sinnesorgane	0.1059			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0139			
	Zervix	0.0852			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0389
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0275
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0142
	Lunge	0.0072
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0247
	Placenta	0.0121
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0251

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0476
	Eierstock_n	0.0000
55	Eierstock_t	0.0304
	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0169
	Gastrointestinal	0.0610
	Haematopoetisch	0.0171
60	Haut-Muskel	0.0227
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0191
	Prostata	0.0342
65	Sinnesorgane	0.0542
	Uterus_n	0.0042

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0078	0.0383	0.2034	4.9166	5
Brust	0.0256	0.0263	0.9722	1.0286	
Duenn darm	0.0307	0.0331	0.9268	1.0789	
Eierstock	0.0479	0.0156	3.0700	0.3257	
Endokrines_Gewebe	0.0375	0.0276	1.3585	0.7361	
Gastrointestinal	0.0307	0.0185	1.6567	0.6036	10
Gehirn	0.0569	0.0503	1.1314	0.8839	
Haematopoetisch	0.0241	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0330	0.0847	0.3899	2.5649	
Hepatisch	0.0143	0.0129	1.1029	0.9067	
Herz	0.0329	0.0137	2.3900	0.4184	15
Hoden	0.0288	0.0585	0.4920	2.0326	
Lunge	0.0177	0.0266	0.6644	1.5052	
Magen-Speiserohre	0.0387	0.0230	1.6807	0.5950	
Muskel-Skelett	0.0137	0.0300	0.4569	2.1888	
Niere	0.0326	0.0205	1.5861	0.6305	20
Pankreas	0.0050	0.0276	0.1795	5.5714	
Penis	0.0479	0.1066	0.4493	2.2259	
Prostata	0.0414	0.0255	1.6207	0.6170	
Uterus_Endometrium	0.0541	0.0528	1.0243	0.9763	
Uterus_Myometrium	0.0381	0.0272	1.4028	0.7128	25
Uterus_allgemein	0.0357	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0224				
Prostata-Hyperplasie	0.0357				
Samenblase	0.0534				
Sinnesorgane	0.0706				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0147				
Zervix	0.0426				
					35
					40
					45
					50
					55
					60
					65

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.1482	0.1201	1.2333	0.8108
	Brust	0.4835	0.4229	1.1433	0.8747
	Duenn darm	0.0521	0.0165	3.1513	0.3173
	Eierstock	0.0659	0.0130	5.0655	0.1974
	Endokrines Gewebe	0.0460	0.0226	2.0377	0.4907
10	Gastrointestinal	0.0307	0.0324	0.9467	1.0563
	Gehirn	0.0259	0.0544	0.4754	2.1033
	Haematopoetisch	0.0187	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0771	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0190	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.1251	0.1649	0.7581	1.3190
15	Hoden	0.1266	0.0234	5.4117	0.1848
	Lunge	0.0634	0.0348	1.8229	0.5486
	Magen-Speiserohre	0.0483	0.1533	0.3151	3.1733
	Muskel-Skelett	0.0531	0.0840	0.6323	1.5816
	Niere	0.0543	0.0616	0.8812	1.1349
20	Pankreas	0.0099	0.1104	0.0897	11.1428
	Penis	0.1048	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0915	0.0532	1.7197	0.5815
	Uterus_Endometrium	0.0541	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.1372	0.2173	0.6313	1.5841
25	Uterus_allgemein	0.1579	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.3357			
	Prostata-Hyperplasie	0.0892			
	Samenblase	0.0890			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0532			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0056
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0213
	Lunge	0.0181
	Nebenniere	0.0254
45	Niere	0.0062
	Placenta	0.0303
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0126

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.3190
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0029
	Gastrointestinal	0.0366
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0065
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0246
	Nerven	0.0020
	Prostata	0.0547
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0416

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0702	0.0128	5.4916	0.1821	5
Brust	0.0691	0.0226	3.0624	0.3265	
Duennndarm	0.0429	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0689	0.0052	13.2394	0.0755	
Endokrines_Gewebe	0.1482	0.0953	1.5551	0.6430	10
Gastrointestinal	0.0172	0.0046	3.7275	0.2683	
Gehirn	0.0651	0.0185	3.5198	0.2841	
Haematopoetisch	0.0267	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.1358	0.0000	undef	0.0000	15
Hepatisch	0.0381	0.0323	1.1765	0.8500	
Herz	0.0583	0.0412	1.4135	0.7075	
Hoden	0.0288	0.0585	0.4920	2.0326	
Lunge	0.0789	0.0491	1.6088	0.6216	20
Magen-Speiserohre	0.0580	0.0230	2.5211	0.3967	
Muskel-Skelett	0.0240	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.5403	0.1506	3.5867	0.2788	
Pankreas	0.0182	0.0110	1.6453	0.6078	25
Penis	0.0299	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0240	0.0149	1.6086	0.6217	
Uterus_Endometrium	0.0541	0.0528	1.0243	0.9763	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000	30
Uterus_allgemein	0.0662	0.0954	0.6939	1.4412	
Brust-Hyperplasie	0.0320				
Prostata-Hyperplasie	0.0238				
Samenblase	0.0267				35
Sinnesorgane	0.1176				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0026				
Zervix	0.0426				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0139	35
Gastrointestinal	0.0083	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0118	
Haut	0.0000	40
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0213	
Lunge	0.0289	
Nebenniere	0.0254	45
Niere	0.0494	
Placenta	0.0667	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	50

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.1224	55
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0051	
Endokrines_Gewebe	0.0245	
Foetal	0.0140	60
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0228	
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0154	65
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0100	
Prostata	0.0205	
Sinnesorgane	0.4954	
Uterus_n	0.0458	

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.1014	0.0639	1.5865	0.6303
	Brust	0.0576	0.0564	1.0208	0.9796
	Duenndarm	0.0337	0.0165	2.0391	0.4904
	Eierstock	0.0749	0.0364	2.0558	0.4864
	Endokrines_Gewebe	0.0238	0.0326	0.7315	1.3671
10	Gastrointestinal	0.0345	0.0231	1.4910	0.6707
	Gehirn	0.0436	0.0883	0.4939	2.0246
	Haematopoetisch	0.0307	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0771	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0285	0.0323	0.8824	1.1333
15	Herz	0.0265	0.0550	0.4819	2.0753
	Hoden	0.0748	0.0819	0.9137	1.0945
	Lunge	0.0675	0.0511	1.3209	0.7571
	Magen-Speiserohre	0.0387	0.0460	0.8404	1.1900
	Muskel-Skelett	0.0685	0.0480	1.4278	0.7004
20	Niere	0.0489	0.0274	1.7843	0.5604
	Pankreas	0.0182	0.0221	0.8227	1.2156
	Penis	0.0479	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0915	0.0596	1.5354	0.6513
	Uterus_Endometrium	0.1216	0.1583	0.7682	1.3018
	Uterus_Myometrium	0.1220	0.0747	1.6324	0.6126
25	Uterus_allgemein	0.1833	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0713			
	Samenblase	0.1780			
	Sinnesorgane	0.0235			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0191			
	Zervix	0.0639			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0278
	Gastrointestinal	0.0305
	Gehirn	0.0313
	Haematopoetisch	0.0433
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0178
	Lunge	0.0542
	Nebenniere	0.0507
45	Niere	0.0247
	Placenta	0.1454
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.1156
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0608
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0204
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0228
60	Haut-Muskel	0.0259
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0151
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0125

2.2 Fisher-Test

Um zu entscheiden, ob eine Partial-Sequenz S eines Gens in einer Bibliothek für Normal-Gewebe signifikant häufiger oder seltener vorkommt als in einer Bibliothek für entartetes Gewebe, wird Fishers Exakter Test, ein statistisches Standardverfahren (Hays, W. L., (1991) Statistics, Harcourt Brace College Publishers, Fort Worth), durchgeführt.

Die Null-Hypothese lautet: die beiden Bibliotheken können bezüglich der Häufigkeit zu S homologer Sequenzen nicht unterschieden werden. Falls die Null-Hypothese mit hinreichend hoher Sicherheit abgelehnt werden kann, wird das zu S gehörende Gen als interessanter Kandidat für ein Krebs-Gen akzeptiert, und es wird im nächsten Schritt versucht, eine Verlängerung seiner Sequenz zu erreichen.

Beispiel 3

Automatische Verlängerung der partial-Sequenz

Die automatische Verlängerung der Partial-Sequenz S vollzieht sich in drei Schritten:

1. Ermittlung aller zu S homologen Sequenzen aus der Gesamtmenge der zur Verfügung stehenden Sequenzen mit Hilfe von BLAST
2. Assemblierung dieser Sequenzen mittels des Standardprogramms GAP4 (Bonfield, J. K., Smith, K. F., und Staden R. (1995), NucleicAcids Research 23 4992-4999) (Contig-Bildung).
3. Berechnung einer Konsens-Sequenz C aus den assemblierten Sequenzen

Die Konsens-Sequenz C wird im allgemeinen länger sein als die Ausgangssequenz S. Ihr elektronischer Northern-Blot wird demzufolge von dem für S abweichen. Ein erneuter Fisher-Test entscheidet, ob die Alternativ-Hypothese der Abweichung von einer gleichmäßigen Expression in beiden Bibliotheken aufrechterhalten werden kann. Ist dies der Fall, wird versucht, C in gleicher Weise wie S zu verlängern. Diese Iteration wird mit der jeweils erhaltenen Konsensus-Sequenzen C_i (i: Index der Iteration) fortgesetzt bis die Alternativ-Hypothese verworfen wird (if Ho Exit; Abbruchkriterium I) oder bis keine automatische Verlängerung mehr möglich ist (while $C_i > C_{i-1}$; Abbruchkriterium II).

Im Fall des Abbruchkriteriums II bekommt man mit der nach der letzten Iteration vorliegenden Konsens-Sequenz eine komplette oder annähernd komplette Sequenz eines Gens, das mit hoher statistischer Sicherheit mit Krebs in Zusammenhang gebracht werden kann.

Analog der oben beschriebenen Beispiele konnten die in der Tabelle I beschriebenen Nukleinsäure-Sequenzen aus Ovarnormalgewebe gefunden werden.

Ferner konnten zu den einzelnen Nukleinsäure-Sequenzen die Peptidsequenzen (ORF's) bestimmt werden, die in der Tabelle II aufgelistet sind, wobei wenigen Nukleinsäure-Sequenzen kein Peptid zugeordnet werden kann und einigen Nukleinsäure-Sequenzen mehr als ein Peptid zugeordnet werden kann. Wie bereits oben erwähnt, sind sowohl die ermittelten Nukleinsäure-Sequenzen, als auch die den Nukleinsäure-Sequenzen zugeordneten Peptid-Sequenzen Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

TABELLE I

Sequenz ID No.:	Wahrscheinlichkeit für eine spezifische Expression im Tumorfreen Gewebe	Funktion	Länge des Ausgangs-EST	Länge der angemeldeten Sequenz	Chromosomale Lokalisation
1	87,23	Humanes Homolog zu AB004537, <i>S. cerevisiae</i> WEB1 PROTEIN	225	2674	Chr.4, D4S395-D4S414 und Chr.3, D3S1572-D3S1610
2	60,00	Humanes Homolog zu AF003145 aus <i>C. elegans</i>	248	1500	unbekannt
3	99,22	Humanes Homolog zu J05466, Dog microsomal signal peptidase complex (SPC 18)	263	1536	Chr. 8
4	90,84	Humanes Homolog zu L38971, <i>Mus musculus</i> (E25) mRNA	290	2164	Chr. Xq21.1-21.2
5	98,49	Humanes Homolog zu M55075, <i>R. norvegicus</i> type III adenylyl cyclase mRNA	257	2256	Chr.2 D2S171-D2S174
6	95,33	Humanes Homolog zu M62419, Mouse clathrin-associated protein (AP47)	267	1093	Chr.19, D19S226-D19S930
7	97,10	Humanes Homolog zu <i>Caenorhabditis elegans</i> cosmid ZC204	316	2191	Chr.1, D1S193-D1S231
8	95,33	Humanes Homolog zu <i>M. musculus</i> npdc-1	220	734	Chr.9, D9S158-D9S1838
9	98,99	Humanes Homolog zu <i>Mus musculus</i> MNUDC Protein	227	2802	Chr.7, D7S691-D7S478
10	98,99	unbekannt	245	1011	unbekannt
11	79,57	Humanes Homolog zu <i>Caenorhabditis elegans</i> cosmid T24H10	252	740	unbekannt
12	98,73	Partiell Homolog zu Human Plasma gelsolin	269	1159	unbekannt
13	100,00	Partiell Homolog zu Decorin	248	2099	unbekannt
14	99,54	Partiell Homolog zu HHCPA78	227	596	unbekannt
15	97,73	Partiell Homolog zu HHCPA78	231	501	unbekannt
16	73,80	Partiell Homolog zu <i>Homo sapiens</i> HYA22	226	1705	Chr.17, D17S796-D17S960
17	53,52	Partiell Homolog zu <i>Homo sapiens</i> ccr2b	191	191	unbekannt
18	97,83	Partiell Homolog zu <i>H. sapiens</i> AU-binding protein/Enoyl-CoA hydratase	357	2396	Chr.1, D1S231-D1S2661
19	97,10	Partiell homolog zu Zink-Finger Protein	252	869	Chr. 6
20	80,64	Partiell Homolog zu <i>Homo sapiens</i> Necdin	220	1462	unbekannt
21	97,10	unbekannt	254	1676	Chr.3, D3S3564-D3S1588
22	57,38	unbekannt	215	602	unbekannt
23	95,33	unbekannt	355	357	Chr.2, D2S337-D2S147

Sequenz ID No.:	Wahrscheinlichkeit für eine spezifische Expression im Tumorfrem Gewebe	Funktion	Länge des Ausgangs-EST	Länge der angemeldeten Sequenz	Chromosomale Lokalisation
24	97,10	unbekannt	130	656	Chr.19, D19S219-D19S418
25	100,00	unbekannt	265	745	Chr.16, D16S3093-D16S409
26	97,83	unbekannt	133	843	Chr.3, 216.7 cR
27	95,33	unbekannt	318	1217	Chr.7, D7S486-D7S2487, Chr.8, D8S556-D8S547
28	97,83	unbekannt	271	977	unbekannt
29	99,53	unbekannt	226	556	unbekannt
30	98,99	unbekannt	112	116	unbekannt
31	89,67	unbekannt	328	2169	unbekannt
32	95,33	unbekannt	232	232	Chr.9, D9S162-D9S171
33	98,99	unbekannt	340	595	Chr.3, D3S1569-D3S1550, Chr.20, D20S891-D20S109
34	94,50	unbekannt	157	1089	unbekannt
35	97,10	unbekannt	261	2510	Chr.2, D2S155-D2S2382
36	98,99	unbekannt	296	2058	Chr.17, D17S840-D17S785
37	97,10	unbekannt	269	2073	unbekannt
38	53,52	unbekannt	269	269	Chr.9, D9S178-D9S286
39	95,33	unbekannt	216	386	unbekannt
40	94,74	unbekannt	342	1491	Chr.10, D10S537-D10S218
41	94,50	unbekannt	299	1790	unbekannt
42	99,53	unbekannt	262	512	Cosmid V857G6, DXS366-DXS87 o.i
43	89,67	unbekannt	256	1678	Chr. X
44	99,43	H.sapiens BBC1 Spleißvariante	172	154	unbekannt
45	97,10	Homo sapiens m6A Methyltransferase Spleißvariante	247	1670	unbekannt
46	75,36	Homo sapiens microsomal glutathione S-transferase 3 (MGST3)	319	731	
47	89,99	unbekannt	249	881	
48	99,99	H.sapiens PTP1C/HCP	330	997	
49	99,49	Human transcription factor ETR101	237	2076	
50	99,99	Human insulinoma rig-analog	289	548	
51	63,39	Human nucleobindin precursor	260	2427	

5
10
15
20
25
30
35
40
45
50
55
60
65

Sequenz ID No.:	Wahrscheinlichkeit für eine spezifische Expression im Tumorfreen Gewebe	Funktion	Länge des Ausgangs-EST	Länge der angemeldeten Sequenz	Chromosomale Lokalisation
52	87,23	Human ORF	260	1177	
53	99,98	Phospholipase A2, group IIA	262	1116	
54	100,00	Decorin	232	2078	
55	94,50	Human cholesterol side-chain cleavage	351	1556	
56	97,10	Human FK-506 binding protein homologue	326	1581	
57	63,39	Glutathione S-transferase A2	238	1145	
58	100,00	Vimentin	339	1121	
59	97,02	H.sapiens HLA-E	270	620	
60	99,99	Homo sapiens DRAL	358	1585	
61	97,93	Human H19	285	947	
62	94,74	Spectrin, beta, non-erythrocytic	230	2559	
63	100,00	Human mRNA for cyclin I	273	1493	
64	99,07	Human mRNA for unknown product	216	1135	
65	99,49	H.sapiens NAP	217	1271	
66	100,00	Human Wilm's tumor-related protein	320	887	
67	87,23	Human TSC-22 protein	263	1487	
68	94,74	H.sapiens mRNA for dynactin	327	3534	
69	97,93	H.sapiens alpha NAC	238	369	
70	100,00	H.sapiens BBC1	245	915	
71	94,74	Fibulin 1	121	2150	
72	97,83	Human cancellous bone osteoblast serin protease with IGF-binding motif	290	1705	
73	87,16	Guanine nucleotide binding protein	241	2236	
74	95,89	HUMSUPY040	253	1565	
75	86,56	Prostatic binding protein	279	1240	
76	100,00	IGFBP5	296	4750	
77	92,17	Homo sapiens apurinic/aprimidinic endonuclease (HAP1)	269	1505	
78	100,00	Human insulin-like growth factor binding protein-4	255	2008	
79	94,74	Homo sapiens type II inosine monophosphate dehydrogenase (IMPDH2)	259	1905	
80	99,92	Desmin	135	2156	

Sequenz ID No.:	Wahrscheinlichkeit für eine spezifische Expression im Tumorfrem Gewebe	Funktion	Länge des Ausgangs-EST	Länge der angemeldeten Sequenz	Chromosomale Lokalisation
81	98,11	Cystatin C	329	906	
82	99,90	Human mRNA for neurite outgrowth-promoting protein	264	595	
83	99,49	Actin depolymerizing factor	258	1568	
84	99,53	Human NifU-like protein (hNifU)	251	1047	
85	99,95	Human apM2	110	519	
86	97,83	Human tyrosine kinase (HTK)	325	2170	
87	100,00	Human transcriptional corepressor hKAP1	271	2264	
88	100,00	Human mRNA for Qip1	242	511	
89	99,44	Human translation initiation factor 3	307	1270	
90	98,49	Human matrilin-2 precursor mRNA	258	2863	
91	63,39	Homo sapiens N2A3	289	1315	
92	95,33	unbekannt	266	3287	
93	94,74	Homo sapiens m6A methyltransferase	334	2260	
94	98,99	Homo sapiens PRP8 protein	301	2786	
95	89,67	Human c-erbA	174	2125	
96	99,70	Human cysteine-rich peptide	255	1910	
97	95,33	Diacylglycerol kinase delta	258	1615	
98	97,02	Human ras-related small GTP binding protein	252	1669	
99	98,73	Human plasma gelsolin	261	4186	
100	98,27	unbekannt	139	2042	
101	99,97	Human matrix Gla protein (MGP)	262	741	
102	100,00	Human plasma glutathione peroxidase	238	1644	
103	96,43	Human 26-kDa cell surface protein TAPA-1	272	1341	



TABELLE II

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORFs) Seq. ID. No.
5 1	104
2	105
3	106
4	107
5	108
10 6	109
	110
	111
7	112
	113
15	114
8	115
	116
	117
9	118
20	119
	120
10	121
	122
11	123
25	124
	125
12	126
	127
13	128
30	129
	130
14	131
	132
15	133
35	134
	135
16	136
	137
17	138
40	139
18	140
	141
	142
19	143
45	144
	145
20	146
	147
	148
50 21	149
	150
	151
22	152
	153
55	154
23	155
	156
24	157
	158
60	159
25	160
	161
26	162
	163
65	164
27	165
	166

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORFs) Seq. ID. No.	
28	167	
	168	
	169	
29	170	5
	171	
30	172	
	173	
31	174	10
	175	
	176	
32	177	
	178	
33	179	15
	180	
	181	
34	182	
	183	
	184	
35	185	20
	186	
	187	
36	188	
	189	25
	190	
37	191	
	192	
	193	
38	194	30
38	195	
	196	
39	197	
	198	
	199	35
40	200	
	201	
	202	
41	203	
	204	40
	205	
42	206	
	207	
	208	
43	209	45
	210	
	211	
44	212	
	213	
	214	50
45	215	
	216	
	217	

Die erfinderischen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 76 der ermittelten Kandidatengene und die ermittelten Aminosäure-Sequenzen Seq. ID No. 77 bis Seq. ID No. 160 werden in dem nachfolgenden Sequenzprotokoll beschrieben.

55

60

65



(1) ALLGEMEINE INFORMATION:

5

(i) ANMELDER:

(A) NAME: metaGen - Gesellschaft für Genomforschung mbH

(B) STRASSE: Ihnestrasse 63

10

(C) STADT: Berlin

(E) LAND: Deutschland

(F) POST CODE (ZIP): D-14195

(G) TELEFON: (030)-8413 1673

15

(H) TELEFAX: (030)-8413 1674

20

(ii) TITEL DER ERFINDUNG: Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus
Ovarnormalgewebe

25

(iii) Anzahl der Sequenzen: 217

(iv) COMPUTER READABLE FORM:

(A) MEDIUM TYPE: Floppy disk

30

(B) COMPUTER: IBM PC compatible

(C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS

(D) SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25 (EPO)

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 1:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2674 Basenpaare

40

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

45

50

55

60

65

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

5

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

15

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:1

cttgaacttc	taggatacag	aaaagaagat	ctaggaaaga	agattgcttt	ggccttgaac	60
aaagtgggat	ggagccaatg	tggctcttaa	agactctgac	caagtagcac	agagtgatgg	120
ggaggagagc	cctgctgctg	aagagcagct	cttgggagag	cacattaaag	aggaaaaaga	180
agaatctgaa	tttctaccct	catctggagg	aacattttaat	atctctgtca	gtggggacat	240
tgatggttta	attactcagg	ctttgctgac	gggcaatttt	gagagtgtctg	ttgacctttg	300
tttcatgat	aaccgcatgg	ccgatgccat	tatattggcc	atagcagggtg	gacaagaact	360
cttggctcga	accagaaaaa	aatacttcgc	aaaatcccaa	agcaaaatta	ccagggtcat	420
cactgcagtg	gtgatgaaga	actggaaaga	gattgttgag	tcttgatgac	ttaaaaattg	480
gagagaggct	ttagctgcag	tattgactta	tgcaaagccg	gatgaatttt	cagccctttg	540
tgatcttttg	ggaaccaggc	ttgaaaatga	aggagatagc	ctctgcaga	ctcaagcatg	600
tctctgctat	atttgtgcag	ggaatgtaga	gaaattagtt	gcatgttggg	ctaaagctca	660
agatggaagc	caccctttgt	cacttcagga	tctgattgag	aaagtgtgtca	tcctgcgaaa	720
agctgtgcaa	ctcactcaag	ccatggacac	tagtactgta	ggagtctctct	tggtgcgaaa	780
gatgagtcag	tatgccaat	tgttggcagc	tcagggcagt	attgctgcag	ccttggcttt	840
tcttctctgac	aacaccaacc	agccaaatat	catgcagctt	cgtgacagac	tttgtagagc	900
acaagggagc	cctgtagcag	gacatgaatc	acctaataat	ccgtacgaga	aacagcagct	960
ccccaagggc	aggcctggac	cagttgtctg	ccaccaccag	atgccaaagag	ttcaaaactca	1020
acaatattat	ccccatggag	aaaatcctcc	acctccgggt	ttcataatgc	atggaaatgt	1080
taatccaaat	gctgctggtc	agcttccccc	atctccaggt	catatgcaca	ccagggtacct	1140
accttatcca	cagccacagc	cttatcaacc	agcccagccg	tatccctctg	gaacaggggg	1200
gtcagcaatg	tatogacctc	agcagcctgt	tgctctctct	acttcaaacg	cttaccctaa	1260
caccctttac	atatcttctg	cttcttccct	tactgggcag	tctcagctgt	acgcagcaca	1320
gcaccaggcc	tcttccacta	cctccagccc	tgctactctc	ttccctctct	cccttctctc	1380
tgaggcatcc	ttccagcatg	gcggaccagg	agctocacca	tcattcttcag	cttatgcaact	1440
gcctctctgga	acaacaggta	cactgcctgc	tgccagtgag	ctgcctgcgt	cccaagaagc	1500
agaaaaaccag	tctatccaag	accaggcacc	tatgttggaa	ggctctcaga	atggttggaa	1560
tgacctctca	gctttgaaca	gagtacccaa	aaagaagaag	atgcttgaaa	acttcatgcc	1620
tcctgttccc	atcacatcac	caatcatgaa	cccggtgggt	gaccccccag	cacaaatgct	1680
gcagcaacag	ccttcagctc	cagtaccact	gtcaaagccag	tcttcattcc	cacagccaca	1740
tcttccagggt	ggccagccct	tccatggcgt	acagcaacct	cttgggtcaa	caggcatgcc	1800
accatctttt	tcaaagccca	atattgaagg	tgccccaggg	gctctatttg	gaaatacctt	1860
ccagcatgtg	cagtctttgc	caacaaaaaa	aattaccaag	aaacctatcc	cagatgagca	1920
cctcattcta	aagaccacat	ttgaggatct	tattcagcgc	tgccctttct	cagcaacaga	1980
ccctcaaaac	aagaggaagc	tagatgatgc	cagcaaacgt	ttggagtttc	tgatgataaa	2040
acttagggaa	cagacacttt	caccaacaat	caccagtggg	ttacacaaca	ttgcaaggag	2100
cattgaaact	cgaactactc	cagaaggatt	gacctgcat	acccacatag	ttagccagag	2160
caacttcagt	gagacctctg	ctttcatgcc	agttctcaaa	gttggttctc	cccaggccaa	2220
taagctgggt	gtctaaaagg	acagcttctc	ttccactcaa	tattgccatt	tttccaaaga	2280
aacatgttaa	aaaaaaaaat	tataagacat	ggactagtcc	tcattagcat	gtttgcatag	2340
caaccagtc	agagcattta	cactatttct	gctgatatac	tcaccttaga	actgctcaga	2400
accctgggtg	tttatttttg	ttttaatctt	ttggtgccag	tgatgatatt	cctattctgc	2460
aaatgtgtga	tttcttggtg	tacacatagt	atgggtttct	gaagtattct	gataaatgtg	2520
ttttttaaaa	cctcaatata	ctttttagaa	aaggagcacc	tggttatgca	taaagcagag	2580
ctaaaaactaa	atttctttca	tgtctctccct	acttccctcag	tgtcaatcag	attaaagtgt	2640
gtaatcctaa	aaaaaaaaaa	aaaaaaaaaa	agag			2674

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 2:

- 5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1500 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STrang: einzel
 10 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA
- 15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- 20 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:
- 25 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:2

35 gccaacacca gcacccgcgc aacgcttttag ggagggcggc tcaggcgccc cggagcaggc 60
 agagtgcgtg gagctgctgc tggccctggg cgagcctgcg gaggagctgt gcgaggagtt 120
 cctggcgcac gcccgcgccc ggctggagaa ggagctgaga aacctggagg ccgagctggg 180
 gccctcacct ccggctcccg acgtgttaga gttcacccac catggaggca gtggcttcgt 240
 40 gggcgccctc tgccaggtgg cggcgcccta ccaggagctg tttgcggccc agggcccagc 300
 aggtgccgag aagctggcgg ccttcgcccc gcagctgggc agccgctatt ttgcgctggt 360
 ggagcggcgg ctggcgcagg agcagggtgg tggtgacaac tactgctggg tgcgggcgct 420
 ggaccgcttc caccggcgct tgcgggctcc cggggccctg ctggccgctg cggggctcgc 480
 agacgctgcc acggagatcg tggaaacgag ggcccgcgag cgccctgggc accacctgca 540
 45 gggctctccg gcggccttcc tgggctgcct gacagacgtc cgccaggcgc tggcagcacc 600
 tcgctgtggt gggaaggagg gccctggcct ggccgagttg ctggccaatg tggccagctc 660
 catcctgagc cacattaagg cctctctggc agcagtgac cttttcaccc ccaaagaggt 720
 gtccttctcc aacaagccct acttcgggg tgagtctctg agtcaggggt tccgtgaggg 780
 50 cctcatcgtg ggcttcgtcc actctatgtg ccagacggct cagagcttct ggcagagccc 840
 tggggagaag gggggtgcca caccacctgc cctgctcctg ctgctctccc gcctctgcct 900
 ggactacgag acggccacca tctcctacat cctcactctc actgatgaac agtttctggt 960
 gcaggatcag ttcccagtga cgcgcgtgag cacgctgtgt gcagaggcca gggaaacggc1020
 gcggcggtct ctgaccact acgtgaaggt gcagggcctg gtcatatcac agatgctgcg1080
 55 caagagcgtg gagactcgcg actggctcag cactctggag ccccggaatg tgcggggccgt1140
 catgaagcgg gtggtggagg ataccaccgc catcgacgtg caggtggggc tcctgtacga1200
 agaggggtgt cgcaaggccc agagcagcga ctccagcaag aggactttct ccgtgtacag1260
 cagctctcgg cagcagggcc gctacgcccc cagctatacc cccagtgcct cgatggacac1320
 60 caacctcttg agcaatatcc agaagctatt ctctgaacgt attgatgtgt tcagccctgt1380
 ggagttcaac aaggtgtcgg tgctgaccgg catcatcaaa gatcagccct gaaagaacgc1440
 ttgctggggag tgtgtgcggg ctgcgaacct ttttggccct ttgcgggctt caācaagggg1500

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 3:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1536 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:3

```

aaaacttttt tttttttttt caatgtgcaa agtctttttat ttaaaatttt agaagttaag 60
acttacgacc acctcagtat atgccattcc taatagaagg aggtatgacg gtttcaaact 120
cgtgcagagc tgcattttca ttacaagtc tctgtaggca ctttagaagt gaagcttggc 180
ttcaaaatac aaacactggg ggctttggct caacctttta atataaaaaa attcactgat 240
gtacaaaaat ttgaaagtgt gacaatgaca attatgaaat cctgtgactg aaagtccctt 300
cgagtgcact ctgtggtgca catgcgcccg cccacacaaa ctctggcatg gaaacataaa 360
ctaattgcaa ccagtgttac ccagaagcac caacacgtgt gttctccatt ccaccaatca 420
cagaccagta tctactccaa acatccagta acgaaaacta tggcatcttc ccaggaacag 480
caaggcaggc ttcttactca cgatgaacca gcacgaataa acccagcaaa aagagaactg 540
catacttaaa tttaggatag tcattcatga ggatogtcac aattccaata taaggaacaa 600
atccccctggc tctcccaca acatcttttt tctctagcca atgttgtcct tgtttataga 660
ggcctcggtc atcaaccgca ttattatctc ctttgggtcaa aaacttgata tgcccatttt 720
gcttttcatg aatcttcaag actcggtgaa ctataggaat ctctcttctt tctatcctaa 780
aaacaacaat ttctcccaact cgtatgggat cttcaactcg atttgttaga aagagaagat 840
ctcctctatg aaatgcaggc tccatgctgc cactgagcac cactacaatc ggactttcac 900
ttccagttat taccattaac cccttcaga tcattagtgc cgatgagaca atcattccaa 960
aathtagtag ttgataatag actgcgcgtt gttcatccgc cgcacatcgt ccaaaaagtc1020
tagagacagc atggcgggga cggcgagcag gacacoggca ggggaaaggg cgcgatgacc1080
agcgggggga actactggag ctcgggtcgg gctcacactg gacaggaccc cgcagtgcct1140
gcacttccgc ttccggggcg ggagctggca cggtcgggca cggtcgccgc ccccgcgcc1200
ccttcgctgc ggagagctga cagagagact caccagcctt ctagtccagt ctcagggtt1260
ggcctcgccg tgggagggtt ctcacgctct ggtctctgcc tgccaaaaac cgactggacg1320
ccacttcccg cgtcgggccc cgcggccctt caccgaggcg gcgaccagg cttagtggg1380
gaggetgctc tgccaatcg gaaggcgggc ctctgtgccc gcccgccaa tcgcgagca1440
cctctccggt gtggcggggt agaagcgggt ccgcgtcccg gcttgggtat ggggtgtggc1500
gtggatgtgt cgtctgaccg taggttctct ggtcga 1536

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 4:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 2164 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4:

```

35  cgcaaacccc caactcagge acttggggccc cttttggggccc cctctctgct cctcccttta 60
    ggacacctccc tggggcccgc cacggtctcc cccagtttg ggactgcggc ataagtatcc 120
    cagacctcgg cttgcagtag tgtagactg aagataaagt aagtgcgtgt tgggctaaca 180
    ggatctctctc ttgcagttctg cagcccagga cgtctgattcc agcagcgcct taccgogcag 240
    ccgaagattc actatggtga aaatcgccct caataccctt accgcccgtgc aaaaggagga 300
    ggcgcgggcaa gacgtggagg cctccttgag ccgcacggtc agaactcaga tactgaccgg 360
    caaggagctc cgagttgcca cccaggaaaa agagggtccc tctgggagat gtatgcttac 420
    tctcttaggc ctttcattca tcttggcagg acttattgtt ggtggagcct gcatttaca 480
    gtacttcattg cccaagagca ccatttaccg tggagagatg tgcttttttg attctgagga 540
    tcctgcaaat tccttcctg tggagagacc taacttcctg cctgtgactg aggaggctga 600
    cattcgtgag gatgacaaca ttgcaatcat tgatgtgcct gtcccagtt tctctgatag 660
    tgacctgca gcaattatc atgactttga aaagggaatg actgcttacc tggacttggt 720
    gctgggggaa tgctatctga tgcctcctca tacttctatt gttatgcctc caaaaaatct 780
    ggtagagctc tttggcaaac tggcgagtgg cagatatctg cctcaaactt atgtggttcg 840
    agaagacctg gttgctgtgg aggaattcgt tgatgttagt aaccttggca tctttattta 900
    ccaactttgc aataacagaa agtccttccg ccttcgtcgc agagacctct tgctgggttt 960
    caacaaacgt gccattgata aatgctggaa gattagacac ttccccaacg aatttattgt1020
    tgagaccaag atctgtcaag agtaagaggc aacagataga gtgtccttgg taataagaag1080
    tcagagattt acaatatgac tttaacatta aggtttatgg gatactcaag atatttactc1140
    atgcatttac tctattgctt atgcttttaa aaaaaaagta gagctctttg gcaaaactggc1200
    gagtggcaga tatctgcctc aaacttatgt ggttcgagaa gacctagtgt ctgtggaggal260
    aattcgtgat gttagtaacc ttggcatctt tatttaccac ctttgcaata acagaaagtc1320
    cttccgcctt cgtcgcagag acctcttgct gggtttcaac aaacgtgcc a ttgataaatg1380
    ctggaagatt agacacttcc ccaacgaatt tattgttgag accaagatct gtcaagagta1440
    agaggcaaca gatagagtgt ccttggtaat aagaagtcag agatttaca tatgacttta1500
    acattaaggt ttatgggata ctcaagatat ttactcatgc atttactcta ttgcttatgc1560
    tttaaaaaaa ggaaaaaaa aaaactacta accactgcaa gctcttgctca aatttttagtt1620
    taattggcat tgcttgtttt ttgaaactga aattacatga gtttcatttt ttctttgaat1680
    ttataggggt tagatttctg aaagcagcat gaatatatca cctaacatcc tgacaataaa1740
    ttccatccgt tgtttttttt gtttggttgt tttttctttt cctttaagta agctctttat1800
    tcactctatg gtgcagcaat tttaaaattt gaaatatttt aaattgtttt tgaacttttt1860
    gtgtaaaata tatcagatct caacattgtt ggtttctttt gtttttcatt ttgtacaact1920
  
```

ttcttgaatt tagaaattac atctttgcag ttctgttagg tgctctgtaa ttaacctgac1980
 ttatatgtga acaattttca tgagacagtc atttttaact aatgcagtga ttctttctca2040
 ctactatctg tattgtggaa tgcacaaaat tgtgtagggt ctgaatgctg taaggagttt2100
 aggttgatg aattctacaa ccctataata aattttactc tatacaaaaa aaaaaacgaa2160
 ccgg 2164

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 5:

10

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2256 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

30

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:5:

40

tttgagactg agtctcaactc ttttgcccag gctggagtgc agttactaac tttcatatga 60
 ttagtccctg gtaaatcttc ccatctttcc cggatcttct gggggagccg cgggaggtgg 120
 cagctgagcg tgcaactacca tgcacagccc tctgtgacca gcacctgctg ttctcttgaa 180
 cgtgtgtccc tgcccgcctc cctggcctca agctcagctg tctccagtae tacacgggac 240
 ccagcaatgc aacggcaggg atggaacgg agggcagctg cctggagaac cccaagtatt 300
 acaactatgt gggcgtgctg tccctcatcg ccaccatcat gctgggtgcag gtcagccaca 360
 tgggtgaagct cacgctcatg ctgctcgtcg caggcgccgt ggccaccatc aacctctatg 420
 cctggcgtcc cgtctttgat gaatacgacc acaagcgttt tggggagcac gacttaccta 480
 tgggtggcctt agagcagatg caaggattca accctgggct caatggcact gacaggctgc 540
 ccctggtgcc ttccaagtac totatgacgg tgatggtgtt cctcatgatg ctgagcttct 600
 actacttctc ccgccacgta gaaaaactgg caccgacact tttcttgttg aagattgagg 660
 tccacgacca gaaggaacgt gtctatgaga tgcgacgctg gaacgaggcc ttggtcacca 720
 acatggttgc tgagcacgtg gcacgccatt tcttggggtc caagaagaga gatgaggagc 780
 tgtatgacca gacgtatgat gagattggag tcatgtttgc ctccctgccc aactttgctg 840
 acttctacac agaggagagc atcaacaatg gtgttattga gttgtctgctg ttcttcaatg 900
 aaatcatctc ggattttgac tctctcctgg acaatcccaa gttccgggtg atcaccaaga 960
 tcaaaaccat tggcagcacg tatatggcgg cttcaggagt caccoccatg gtcaacacca1020
 atggctttgc cagctccaac aaggaagaca agtccgagag agagcgctgg cagcacctgg1080
 ctgacctggc cgacttcgcg ctggccatga aggatacgtc caccaacatc aacaaccagt1140
 ccttcaataa cttcatgctg cgcataggca tgaacaaagg cgggggttctg gctgggggtcal200
 tgggagcccg gaaaccacac tacgacatct ggggcaatac agtcaatgta gccagcagga1260
 tggagtcocac ggggggtcatg ggcaacattc aggtggtaga agaaacccaa gtcacccctcc1320
 gagagtacgg cttccgcttt gtgaggcgag gccccatctt tgtgaagggg aagggggagc1380
 tgotgacctt cttcttgaag gggcgggata agctagccac cttccccaat ggccctctctg1440
 tcacactgcc ccaccagggtg gtggacaact cctgaatggc ctgagcctg caacagttcca1500

65

```

aaccggaagg gagaatttat tttttgaaac tgaaggaagt cccgaccttc ctggattgaa1560
gtgcacactc atggacttta ggtttagaaa cctcctcagc cttcatttgt tcgtggatgt1620
gtgagctctg aggggtggccc tgctattcct ctgtgtgcct gtagtgtccc cagcataggg1680
5 gtcttaggca tagggctgaa cagtccttcc agagccctcg ttccaatccc tgccgtcctt1740
gcccttgagg gccctgacc actgtgagca ggagggtggc agagctggga caaagctgcc1800
tttgccgtcg ggctttccgg gactgtggag ggagcacagg cggggaagct ccacttcaga1860
cagggcttgg tggggcagga catggctccc attttgaagg gaggtctcca tgttggtccga1920
gtgaggtgag acggccctcg tcctggtgtt cctgatcacc ttgaaagggt cttctggaac1980
10 tcctgtcccc ttagtcatga gaacagaaa tgcaatattt cctttcacct ggcaggggag2040
gggggattta tttctgaaag aaaaatata aaacagatct tctacattta tatttttaaat2100
cttctgttaa atacactttc cgatattgcc ttgccttttg agctcttgct acagtcgcct2160
ttgctactgc ttttaagagaa tttacaggta ttgataaaga acaagactgt tttattaaaa2220
15 gctttattca acttgaaaa aaaaaaaaa aaaaaa 2256

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 6:

20

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1093 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

25

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

40

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

45

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:6:

50

```

atttcccaaa gaagggtcaa gttcgagatc cctggacttc actacctccg gcatccaggt 60
gcgctacctg aagatcattg agaagagtgg gtaccaggcc ctgccctggg tgcgttatat 120
cacgcagaat ggagattacc agctccggac ccagtgaggg gctgtcgcag ccaacacccc 180
ggcctcgggg ctctggtgg cagcaccagg ggacacacct gccaaaccca ccagatggag 240
55 gggccctccc tggctctctg ccacctccc agcctctgcc cagggacccc tgccttcccc 300
aggccatctg ctctgccgtc gacactcgtc tcagaagccc ctttcccaga agaggctggg 360
cttcaagaag tctcgtttct ttgcccctga agtcagtttc aggggaagga tgtgaaattt 420
ttcgtgttag aggttacagc cttttatgct gttgagctcc cagggtacaa aaagcttggc 480
60 caacgcttgc cagccagcca gctgcagggt gcatctgcc cgaaggaagc gccagcctcg 540
ccaggccagc aggggcgtcg ttttggtgcc attttggtga acgttatggg tttatgggtg 600
ttcctggaac ttgtctttgt gcattcgttg ctgtttgtgt taccctcact gtcccatgt 660
ccaacccaag tctacggca ctcaggaagc acttggtgag gacgagccct cacccttctt 720
gtcttccttc ccagcagcgc ccgcagcggg ccatttacac gtcgaggctg gcacctggcg 780
65 cgctcggggg ccactgtagc gtctgcctgc tcctgggact cgcaggcctc gcctgtggcg 840
ccttcccagg gccagcctgg gtcacgagat gctgtcactc agccagatca gtattgacc 900
accaggggag gtgggggttg gtgagagacg ccagcctcag actttttccc actgagggtc 960
cagagagcgg ggccacgtgt caccacgtc tgcgttggt caccctcctt cccacccctg1020

```


tgtgtgttta tgtcatagtt acattaaatt ccattcattg aatactcaaa aaaaaaaaaa1080
aaaaaaaaaa aaa 1093

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 7:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2191 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:7:

tggtttctga	ctttatgtac	tggttaattta	ttgcacaggt	ttttctgcat	caaaaaagta	60
tctgctaaaa	tagagaaaca	gttgtgtctg	aattcacatt	tcccccaac	ttctaaaaat	120
atttccccta	aaaaagaatc	cactcatcta	attttaaaga	aatataactt	cttacacaag	180
acaatccaaa	ctgatgcaaa	atattttatt	caagttagtt	attttatgca	gtagtttccc	240
cctcgagact	tgtgataacc	acatctttta	aatctgtaaa	taatgttatc	aaaataatct	300
taatctttga	aatctcacia	aaatttatat	tttacaatcc	accctgaata	tcaaggctgc	360
aagaataaca	caacatttcc	tatatccaaa	tattttacag	ctgtacccaa	aaaggaaaaa	420
gaaaaaaaaa	acaaaaaaa	acaaccaaaa	aaaccacat	atgcttggtt	aagggtctaa	480
gttaccggag	cagccaaaaa	taaaaataaa	tatccaaatt	attagcatta	atttaataca	540
attataactt	caatagtcac	tttgtcattg	acaatgattg	cttgatcaca	ggggtgagtg	600
ccccaggggc	tggtagtaga	agctgttgct	gcagaccagt	gtctcctctt	ccctgcactg	660
ccagctccta	cctgtgcata	gccccatata	tactgggtgt	gtatgtgtgt	gtgtgtgtga	720
gtgtgtttta	aaaatctgtc	ccaccacaca	aacttctctc	tataaagcag	ataacaggga	780
agaacaataa	caaaagcaaa	acaagccaat	tgctctctct	ttgggatatg	attatttccc	840
ttgtgaatga	agtattcaac	aacataagaa	aaggaaaaga	acgatttctt	ttgtatactc	900
cctaaacaca	cagagtttac	tggttcagat	ttaactgtga	gcattttatat	gcctacttcc	960
aggcatcgtc	atctgatgtt	tcaactgctac	tggtttcggt	gtctgagtc	tcaaactctg	1020
ctttgcaagt	gcttctccaa	ggggagaaca	gactggaact	gcggctctgc	aagaagccat	1080
tctttccaaa	gccatttctt	ctcagctgct	ctgtcttcct	gtggaactct	ttgagctcat	1140
cctctgtgag	gggaaggcaa	ttctcatcat	tttcaggata	ttcctgccaa	cccactagct	1200
tcaataacct	gtgctctgct	tctagagagt	gtgagagaa	ctccccctct	tccactacag	1260
ggaggggca	accattttga	tgacagcctt	cctccccatt	ttcctttggt	tcagggtgtg	1320
tggtgtcctc	caaattctcc	agcttgtcac	agtctctatt	ctctgagaag	tctccattcc	1380
ggatcatcct	cagagttttc	aggaactcac	tcttcctgtc	ggtggttcgg	cgggtcaact	1440
tggtcagacg	agaggagctg	atctcaattg	gaggggtggt	gctggaggga	ctctctttgg	1500
gagaactcag	agctgcacca	ctagccagta	ccactggttt	ggtaacagag	attggactgg	1560
taaaagcaga	ctccccgcta	gaggaaaggg	atcctgactt	gtgctccatc	ctgttagctt	1620
tccatgcatt	aggcttgga	ggaggtggta	caggcttagg	aaccagggtc	ttatagacac	1680

ttggaaccac ggatgacaat ttgttcccat ttgcatgggtg agatcctggt gaggtgaatg1740
 cagcagagaa ggcagcagca ggatcctctt tggaaacttt tttgataact agcatcctgg1800
 agggttgctt ggcactagga gggttttccc atactccaga aggtgtccca atagggtctgc1860
 5 atggctgatg ctgtttgcca gcttctggat tcaaggaagg aaagtctctc tcttcaaact1920
 gcaacttttc caccttgtct tctttctttt cttccctaata ctccataggt ggcttttccct1980
 gaaaagcaca ccctttccgg gagtggagc tgccattcca atggcgatgg ttccctgtgc2040
 cacctccact acgttggctc atgccatcat gacctcggga agagctatgc caaccagatg2100
 gggtccctgt gattccagca tatgtccct tagagacacc agagtccaca gaatcatggc2160
 10 ggaacagga gggctgggtgc caagaatctc c 2191

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 8:

15

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 734 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

20

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

40

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:8:

ccctggccaa ctttaccoca ggccttgcca ccctcacctg cacgctaacc ttcacctccc 60
 ccgcgcacct gcacctcac ctcccctggc caacttcacc ctgggctgtg ctcccctggc120
 accccaggga tgaggtgggc tgagtggcca ctccagact gggccactgg cacctcgagg180
 50 gcatggggag gaccagcga tccccccca ccaggcata aagagccacc caaggagctg240
 gacacggcct cctcgatga ggagaatgag gacggagact tcacgggtga cgagtggccg300
 ggctggccc cgaccggga aatggaggtg cgcaaccctc tgttcgacca cgccgactg360
 tccgcgcccc tgccggcccc cagctcaccg cctgcactgc catgacctgg aggcagacag420
 acgcccacct gctcccgac ctcgaggccc ccggggaggg gcagggcctg gagcttccc480
 55 ctaaaaacat gttttgatgc tgtgtgcttt tggtggggcc tcgggctcca ggccctggga540
 ccccttgcca gggagacccc cgaacctttg tgccaggaca cctcctgggc ccctgcacct600
 ctctgttcg gtttagaccc ccaaactgga gggggcatgg agaaccgtag agcgaggaa660
 cgggtgggta attctagaga caaaagccaa ttaaagtcca tttcagacct gcggaaaaaa720
 60 aaaaaaaaag gggg 734

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 9:

65

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2802 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

10

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

20

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:9:

```

gagttctctc tggagtctcg agcccgaggaa gtgcggttttg gtgaacctga gcaaggtggg 60
cgagtattgg tggaaacgcca tcctggaggg agaagagccc atcgacattg acaagatcaa 120
caaggagcgc tccatggcca ccgtggatga ggaggaacag gcggtgttgg acaggcttac 180
ctttgactac caccagaagc tgcagggcaa gccacagagc catgagctga aagtccatga 240
gatgctgaag aagggtggg atgctgaagg ttctcccttc cgaggccagc gattcgaccc 300
tgccatgttc aacatctccc cgggggctgt gcagttttaa tgaccagaag gaaaggaaac 360
cctgcgcggt ggggaggcag agccttatcc tcggctgccc ttcttggctc cctgcattcc 420
agggacttgc tcgtcttgtt tacccttagc catcctttct ttcaagggtg aaccaggcct 480
tccacctga ccttgcattt ccagactgtt ccagagaagg tgcggggcca gctgctatgt 540
ggtggcgcgt gtggctgaca ctgagtgaag gtgtttgaaa tgcaggagag gatattccag 600
caaattggga tcacatgctt ttgtctccac agcaaccagc cactgcaggc agcatgtctt 660
tctccctctg ctctctgctt gctgttgttt tgacgctatt ctgcttgcatt gctctctggt 720
tggtgatgtg agttgttgcg ggactctcag gcgaagtga gtcatgaag tgtgtgaagc 780
tctgtgcttg catgagggca agcaaggaat ggctgtgcct gaggctgctc tgggaaactc 840
cttgcccttc gacctctttt gagagcattc acgtggtctt cttgctcatc cccttataaa 900
tgtgtcttgc ctgcctcagc ctcatgttca gagcagtga gactggagcc ctgtttgcac 960
gttctagttg ttcgagagaa gcctaggttc tgggctcagg tccagatgca gcggggattc 1020
tgttctctga ctgtggcgac cttgctttgg ttcttgttga agtgaacca gcccgccac 1080
cacgcatggc atgctgtgct tggctcccca taagacgtcc tctttgggtg cacggtgtcal 1140
aagtgtgggc aggagtggag agctggtgcc ctcaggagga gaccacagca tgtccatcag 1200
ctcagcagag ctcgacagcc acaagtcctg agaagctttg acctgaagg gcttctggga 1260
gaggaggaat ttctgcatgg ggcgtgaagg cacactgtcc caccacaact gaaccagaag 1320
agagtgaaga ctccctctct cccatctctt gtgccagggt ccagactgtg ctcttggga 1380
cttatggccc aatcttaact gttctccagg gactggtcac tgcctcagga cccccaagcc 1440
tatgccctga gccatggctg ctgactgact ccagccaagg tgcaaagac agattatgag 1500
acaggctctc aggcctgtgt tccaagtact cacaggggct ctgggtgccc atcgccggga 1560
gtatggttca gctgccaccg gcactgtcca ttgctctgtc tgtcaagctc agagcatgga 1620
taagccacac agcagggcag tgcacctgg caccatgcac ggccagcaag aatcaaggcc 1680
cgcagatgct aagagggcct attgtcagg gaagggtccc gctcctgcac actctctatg 1740
gatacttggg ttgtgggggc tctcttgagg agtaagtttg tgggttgttt ctggtttaca 1800
gtggtggctg acacccttg taagaaagca ttcttgggaa gtcttctgtg ggtccaaaca 1860
tggtgctccg atcatcacag gagagcaaaa ggccctagat accccctttg gaatgtgaga 1920
gtcttgttgt ctgatatttg ccactgagct ggtgaagccc ctctaaagag atctcgaccc 1980
tggggagcag aattcttgtc atctatgagg ggtcctgaga aagacttgtc attttttttc 2040
ctggagttct tccattgag gtcttaggat ttgcacacca ctgtcccaaca agagctttcc 2100
tgccaatga aaggaggtct tgtggtgtgt gtctctctc ttctctatag ttcccgagtt 2160

```

30

35

40

45

50

55

60

65

```

ggccccatt gcagcccca ccctgtgggt agtcttccag aagtgatgca gtggtgtgag2220
atgccctaca ccttggttatt tgggagactt tgagagtcac tcacttccat ggtgactagt2280
gtttgttttg cctgatttta tattctgtgt tgcattttct cccactccct gccctgcttt2340
5 aataaacagc aaaccaatat cttaggaaga tgactgaggg atagtattgg gtattggccc2400
catggcagga acagccactt gcactctggt ccggtgccac actgcggtgc ttggtgtggt2460
tgtggagcct gtccctgctc gccttgcctc cgttgagcca cgctgtctgg tgggtgattc2520
tctgccctga gccaccaccc tggactggcc cagtctccag agctggcaca ccttgctgt2580
10 tttctctttt tagacacaac agccgcagtt tggccagcca ctaagtccca ccagctgagg2640
tccgaggaaa gcggggtgac tcatttccct tgtccagggc ccgaggagag tgagggtgcc2700
agcctgcaaa gctattccag ctccctgggt ttggtttgca ataaattggt atttaagcaa2760
aaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aa 2802

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 10:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1011 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:9:

```

50 ggcgacgta atcgccgagg gcacgtgcat gccccctggt taagagttgc aggtagcggt 60
agcgattgga cactctggat cgagtagtaa agcccaaac gaaaagagcc aagagattcc 120
ttgagaagag agaaccgaaa ctcaatgaaa atattaaaaa tgccatgctg attaaagggg 180
gaaatgcaaa tgcaacagtg acaaaagtac ttaaagatgt gtatgcactg aaaaaacat 240
acggtgtact atataaaaag aaaaatatta caagaccttt tgaggatcag acatcactgg 300
55 aattcttttc aaagaagtca gattgttctt tattcatgtt tggctcccat aataagaagc 360
ggccaaataa tctagtaata ggtcgtatgt atgactacca tgtgctggat atgattgaat 420
taggtattga gaattttgtc tctctaaaag acattaagaa cagtaaagt cctgagggaa 480
caaaacccat gctgatattt gctggcgatg atttcgatgt aacagaagat tatagaagac 540
60 taaaaagtct tcttattgat ttcttcagag gcccacagt atcaaatatc cgctggctg 600
gattagagta tgttctgcac ttactgcac caccacggat tgaattggaa gagatgggac 660
agttgctgtt gaagaaatct gttgcagaa caccacggat tgaattggaa gagatgggac 720
cctcattgga tctggttctg aggaggacac acctggcatc ggatgacctt tataaattat 780
ctatgaaaat gccaaaagct ctcaagccaa agaagaagaa aaatatttcc catgatactt 840
65 ttggtacaac ttatggaagg attcatatgc agaagcaaga cctaagcaaa ctacaaacca 900
ggaaaatgaa ggggttgaag aagcgacctg cagaaaggat aacagaagac cagcagaaaa 960
agtcaaaaaa aattaaaaaa aattgatgga acttaaaaaa aaaaaaaaaa a 1011

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 11:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 740 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

10

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

25

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:11:

```
aactctctcc cttttccctc tctttctccc ctctctctct ccttctttct ccttttaagc 60
atthttggtta ttttttagtta aagaaaaaca gctttctcca agggcgacaa agtgaactga120
aggctcagaag gaagctgggt gcgggcttcc tgcaagctct tgctccaaaa cctggaagtgl80
aggagagggc gctccggagc tctggggaag gttggtgcac acaggggttc cgttgggtggg240
ggagaagagc cgccagccca cacacgggtc ctggattggt gtgagtgggt tccaagcgac300
tgccatgtgc tagtccactg acatgattga cattaacatt cttggggggc attaaattaa360
ggaatgacac agggagccaa gagagtggct tattecggtg gattctgaat cacaatcagg420
aaatagtctt tatctgggtc aaccataatt tcatttttct tggagcgaat tcgaaggaag480
gtgagatcgt tctgggggtc gatgtcacgc acggtgctcc gtgccttcag gatgaagctg540
tgcatgaggc tggcatactg ggtgggtgtg gggttgtcca tgggtgctct gatgggaatg600
ccttctgtgt tcacgacgat gattccctgc actcccttct ggctctgcag tcgcttcagt660
gtctcctcca cctctgccat ttccgaccga tccggtagcc ccgcgtagcg aacacttagc720
gagtcctgtg cctttctgctg                                     740
```

35

40

45

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:

50

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1159 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

60

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

65

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:12:

```

caccgctgaa ggacaagagg tgggtgccct gtgctggggg ttttggctgg tccaacaacg 60
tccgacgctt tgtgatcgaa gaggttcctg gtgagctcat gcaggaagac ctggcaacgg 120
atggacgtca tgcttctgga caccctggac caggctcttg tctgggttgg aaaggattct 180
caagaagaag aaaagacaga agccttgact tctgctaagc ggtacatcga gacggaccca 240
gccaatcggg atcggcggac ggccatcacc gtggtgaagc aaggctttga gcctccctcc 300
tttgtgggct ggttccttgg ctgggatgat gattacgggt ctgttgttct gaaaaccccc 360
tcagccgcct acctgtgggt gggtacagga gccagcgagg cagagaagac gggggcccag 420
gagctgctca ggggtgctgc ggcccaacct gtgcaggtgg cagaaggcag cgagccagat 480
ggcttctggg aggccttggg cgggaaggct gcctaccgca catccccacg gctgaaggac 540
aagaagatgg atgcccattc tcctgcctc tttgcctgct ccaacaagat tggacgtttt 600
gtgatcgaa aggttctctg tgagctcatg caggaagacc tggcaacgga tgacgtcatg 660
cttctggaca cctgggacca ggtctttgtc tgggttggaa aggattctca agaagaagaa 720
aagacagaag ccttgacttc tgctaagcgg tacatcgaga cggacccagc caatcgggat 780
cggcggacgc ccatcaccgt ggtgaagcaa ggctttgagc ctccctcctt tgtgggctgg 840
ttccttggct gggatgatga ttactggtct gtggaccctt tggacagggc catggctgag 900
ctggctgcct gaggaggggc agggccacc catgtcaccg gtcagtgcct tttggaactg 960
tccttccctc aaagaggcct tagagcgagc agagcagctc tgctgtgtgt gtgtgtttgt 1020
tctttttttt tttacagtat ccaaaaatag ccctgcaaaa attcagagtc cttgcaaaaat 1080
tgtctaaaat gtcagtgttt gggaaattaa atccaataaa aacattttga agtgtgtaaa 1140
aaaaaacgag ctcgagccg
1159

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 13:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2099 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:13:

5

```

acctcttttt ccctttttct tcttttttct tcttttgcttt cttcttcttt tttttttttt 60
taattttgaa tgtattttta aatttttttt ttcaaaataa tgacattagt aaaaatttta 120
catagcctgt attgaattca cacattcaaa tgaggcttta ccagtaatga tggggattaa 180
tacagagcta gtgtttggca tttgacttta tctcaaataa gctaactgct caatgaatta 240
cagaagactc atactctttt ttttttttcc tggaaattaa aaaagaaaag ctttactaaa 300
tattgacata tatatttact ccaaatttta catttagtga aataagaata tctctagtag 360
ctcagttaac atcaacagaa agcttcaaaa gatgattctg aaaatggcag gcaaaatttc 420
tttttattgt aggcaattac ttaaactgga aatttggtct tatgcataat aagtcattgt 480
ggtaaaacat ccacattgca gtttaggttc cagtatctag cttttattta ttttttagca 540
atgacattaa caagattttg ccagggtata aaaatgaggg ctttcttgag aattacttat 600
agtttccgag ttgaatggca gagcgcacgt agacacatct gaagggtgat ggctgtatct 660
cccagtactg gaccgggttg ctgaaaagac tcacaccoga ataagaagcc tttttggtgt 720
tgtgtccagg tgggcagaag tcacttgatc caactacaga gatattgttg ttatgaaggt 780
agacaacctg gatgtacttt ccccttccc ttacggaatt acatcttgat ggcaacaaaa 840
tcagcagagt tgatgcagct agcctgaaag gactgaataa tttggctaag ttgggattga 900
gtttcaacag catctctgct gttgacaatg gctctctggc caacacgcct catctgagg 960
agcttcactt ggacaacaac aagcttacca gagtacctgg tgggctggca gagcataagt 1020
acatccaggt tgtctacctt cataacaaca atatctctgt agttggatca agtgacttct 1080
gcccacctgg acacaacacc aaaaaggctt cttattcggg tgtgagtctt ttcagcaacc 1140
cgggtccagta ctgggagata cagccatcca ctttcagatg tgtctacgtg cgctctgcc 1200
ttcaactcgg aaactataag taattctcaa gaaagccctc atttttataa cctggcaaaa 1260
tcttgtaaat gtcattgcta aaaaataaat aaaagctaga tactggaaac ctaactgca 1320
tgtggatgtt ttaccacat gacttattat gcataaagcc aaatttccag ttttaagta 1380
tgctacaaat aaaaagaaat tttgcctgcc attttcagaa tcatcttttg aagctttctg 1440
ttgatgttaa ctgagctact agagatatc ttatttctact aaatgtaaaa tttggagt 1500
atatatatgt caatatttag taaagctttt cttttttaat ttccaggaaa aaataaaa 1560
agtatgagtc ttctgtaatt cattgagcag ttagctcatt tgagataaag tcaaatgcc 1620
aacactagct ctgtattaat ccccatcatt actggtaaa cctcatttga atgtgtga 1680
tcaatacagg ctatgtaaaa tttttactaa tgtcattatt ttgaaaaa ataaattt 1740
atacattcaa aattactatt gtatacaagc ttaattgtta atattcccta aacacaatt 1800
tatgaaggga gaagacattg gtttggtgac aataacagta catcttttca agttctcag 1860
tattttctct acctctccct atcttacatt tgagtatggt aacttatgtc atctatgtt 1920
aatgtaagct tataaagcac aaagcataca tttcctgact ggtctagaga actgatgtt 1980
caatttaacc ctctgctaaa taaatattaa aactatcatg tgaaaaaag taatcagg 2040
gaacatttct acaattacta gatgtattag acgtaagtat tttctttagt taaaccacc 2099

```

10

15

20

25

30

35

40

45

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 14:

50

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 596 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

60

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

65

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:14:

```

15  ctttaaccgg gcttttaaag gagtagtaac tgggccagga aaggctcttag aagcgatttt 60
    tggaggctag tggacgggtgt tctcctactg caaatatttt catatgggag gatggttttc120
    tcttcattga agtcottgga attgattcta aggtgatgtt cttagcactt taattcctgt180
    caaatTTTTT gttctccctt tctgccatct taaatgtaag ctgaaactgg tctactgtgt240
    ctctaggggtt aagccaaaag acaaaaaaaa ttttactact tttgagattg ccccaatgta300
20  cagaattata taattctaac gcttaaataca tgtgaaaggg ttgctgctgt cagccttgcc360
    cactgtgact tcaaacccaa ggaggaaact ttgatcaagg atgccaacc ctgtgatcag420
    gaacctccaa atactggcca tgaggaaact aggaggggca ggtctttcat aaaaaggccc480
    tttggaaccc cctttcccg gctgtgttt aaggagata gggggatatt ggggccctt540
25  cactgcagc tggccacatt tggtcagtc ttctcagcct tgggactttg tttcaa 596

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 15:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 501 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:15:

```

60  tggcacgtgt tctcctgact gacaaatgat ttcagatggg aggggtgggtt tgtcttcagt 60
    aatccttggg aattgaattc taggtggatg ttcttggaca ctttgaattc ctgtcaaatt120
    ttttgttctc ccttcttggg ggtttaaaac ggtggggaaa ctggtctact gtgtctctag180
65  gggttaagcca aaagacaaaa aaaattttac tacttttgag attgccccaa tgtacagaat240
    tatataattc taacgcttaa atcatgtgaa agggttgctg ctgtcagcct tgcccaactgt300
    gacttcaaac ccaaggagga actcttgatc aagatgcca accctgtgat cagaacctcc360

```


aaatactgcc atgagaaact agagggcagg tcttgataaa agggcctttg aaccccccttt420
ctgtccctgt tgtagggga tgggggttat ttggccccgc actgcagctg gccagcaact480
ttggttaagg gactgttagg c 501

5

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 16:

10

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1705 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

30

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:16:

40

acaacccccg ccacccaaac ctcccaggct tctttttttt tttttttttg ttttttttgg 60
tttcaaagtt ataatgcatg gtttaaaaga gagaaaagga aaaaagacac aaagctgggt 120
acaggctctga gggagtctaa ggagagaaaa atagaggag agtaaagggg ggacaaattt 180
agggaaaatc cagtggccca aaatcccagt atcccaccca cagcccagcc cttggagcag 240
gagtgaagaa ttagatcagt tttgtacaag agttttttta aaaaaatcaa atcacaacaa 300
agctgacttg gcttctcttt gagcctcctg gatcacctga tgtctgtcac tctggccagt 360
cctgcctctt cacaaacact gattcggctc tcctaggctt ccgcctgtgt cccagtctgg 420
ggtttccatg gagtgtgaac acgaagttaa gagtgaggct gcttcagagc ccctggccca 480
tgtgtccatc cagactccaa gtggagtgtg gggctcccag ggcagagagg ggtgggaggg 540
gcagaccctg ccagggcagt cctcacattg gacagggcat cagacggcat cccaagggct 600
cgccctccct ttcccccca cccaactca ggtggagggg gagcagctgt caccagagcc 660
gatgttggtg aaggtttcgg ctacgacgg aacgaacatc agcgggtgaac ctgagggcac 720
ccagcattgg gagcaggttg agaagggtg tgtcgttgg gtcactgaac caggatttga 780
tggggatggc attgtctgga tggctcctgt aagccctgg ggagtattcc aggatcaca 840
tgctggagag gtcactgtgg accacagaga ggtccttgat gtactgtccc aactccaaag 900
tgcatgtctg tctgtaatat ctctctttaa gaatgttct gctattgtcc agtttatctg 960
ccacagcaga gccatagatc tccatgcttg ctgtaaacac caccagctcg taccactggc 1020
tcaccacttc caggaagaaa tccacatggg gcctcttatg tacaaaaaac cggacaggat 1080
gtttgtctat taccaccttg aggatgaagt caggaggcgt accaggccgg actgtggggc 1140
tcaggacccc atcatggtg gagtgaataa gtgtctcatc cagatccagc accaggatct 1200
tcctcttcac ctgggctagc cgattccggg acacaggaga taaggggagg atatcatatc 1260
gaacagtttg gtactgaatt accgtgcgga tctgcctccg caaaaggtaa atgaagaagc 1320
tcagagctt ggcggcgaag gccacgaac tgcgcagccc cagcagacac tgcgtccgca 1380
tcacccgat gaccggcac cgccggcccc ggggcccccg cggcccagct ccgccagccc 1440
cccgggggca gcccccgcc gccgggacgg ggcacggggg ccccagtggt caggagacgc 1500

65

5 tgcagagagg ggcacggagc gggccgctca gaaagccacc cctggcgagg gtaaagccca1560
 gcggaacggg gagctggggc acaggcgtgg gcagcccgcg ggggccca tgggctggga1620
 gtggcaccga cggcttcggg gcaggttgcg ggccgagaca ggtagggcta ggatggggtc1680
 ctccgagacc tggagggaag gggaa 1705

10 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 17:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 191 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:17:

45 aagcacactc cacttccttc acccatttta catttcagc ttccgcttac gcaaggtctc 60
 ttcttcctct gtggctcctc cacctgcag tgtccacctg ttaatgagac aggaacatgt120
 acactagttt tccttaccac aaaaatcaat ttgcaaataa gaccgagcag cttcctgttc180
 ccctcatgac a 191

50 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2396 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

60 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

65 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:18:

```

caggggtgag tgaaaacagg gtgagtctgg acattctgca gtcagccact gttcttggct 60
tccaaacaaa agcaaaacta aggcaaggca gagcacagag ggtgctcagg cagaagctgc 120
ttccctctct ggtgcagcca ttagctgctg tagtatctgt gacctgtcag aacctgcttc 180
cttcattttg ggaatatttg accaacctca gagcaattgc tgttacgagc caaggaggtc 240
aaagagcaat gtccagtctt cccattctgt ccaagtcaga tttatcgacc atgtttcgga 300
aaaagggtgag cctcagggat agtttgtcaa tggctgagct aatcacaaag gtgcctgggc 360
aggaatactg gcaccagcca aatttgcatt acttgttctg agcaattgag ctttgtttga 420
agaatgggag gggataaaga agataactga tcattttctc agtgactga cctggtgatt 480
aggagcagcc ttcttggatg cagttaggca aagtctgaat gtcttccctt ctccccccac 540
cgctctctcc tgccacccca ggagcaacat ataaaaatgt gtagctccag gcatgaaagt 600
agcttctgtc tacacaatgc aggtcaaaga gaaggaaactg accaggtgtc caggcaccaa 660
aataccaggc tggcttagcc ccaactctcc ttctcacatg cccacgttca cgcaactaac 720
tcacagggtt ttggggaaga ctaagacgga tgaatgtaa aaccactcc cttctgccca 780
cgttcacatg gtccatgctg agggaattca gaaaaggaga cagaccgggg ggggtgcgtc 840
agtcaaggca agtttctcga aggaaggaa gagaactcag gaggacatgg actggaacag 900
tcagggcaat ttcaggctgt gacaaagctg gaacggacga ctgtagcagg agcaggagtc 960
actgacattc taggccaggc cagggctaag ccagagaacc tattaatagt aatccacaaa 1020
tagatatggg gcacctccta ggaactctcc ttgttccaag cgtcgtacct cgtgtgatcc 1080
ttagcggctc tctgaagcag acagaagagg gccagccatc tttcttccac ctttgaggct 1140
tggaagggtg gagacttgct ggtgacttac aactccatca aaggggcatg gtgaaataag 1200
ggcctgggct cctgacttct gggctagggc tcttccaaag gcagagtctg gagaggcctg 1260
gctgtggcca gaccatgggg caagtggcta gaggggcgag tagacagcag aggcagctgt 1320
ggccccgggg attagcactg ggggaccgga tgggggaggg aggcctcact ttgttctatc 1380
tgagcagctt cctcggcagt catgggactg attgagacca cgcgagggtc cctccggggg 1440
gcaggaggga ctcagaggct gccccgttgt ctgggggtgg ccctggcgaa ggagctcatc 1500
ttcacgggcc gacgactgag tggaaactgag gccacgtac tggggctggg gaatcacgct 1560
gtggcccaga acgaggaggg ggacgccggc taccagcggg cagcagcact ggcccaggag 1620
atcctgcccc agggccccat tgccgtgcgg ctgggcaaag tagccattga ccgaggaacg 1680
gaggtggaca ttgcatctgg gatggccatt gaagggatgt gctatgcca gaatattcca 1740
acccgggacc ggctagaggg catggcagcc ttcaggggaga agcggactcc caaatttgtt 1800
ggcaaattgac cccattttta accttcagca tgggagatgc atgcccgtga gagcaggatc 1860
cagaaggaag atttgtggcc agattgcctt catcatttca cctctccaga cttccatttc 1920
ttcacaagga tgatgatgga aataaaatga ctggcgtgat gcctggaacc aagggtgctg 1980
tcctaccacc tactgctacc ttcttagct tcacctggc tagaaataat cagcagggtt 2040
gggtttgctt tggaaaatgc ctgtctctct acttgaatga taaagaatta aattagatat 2100
ctctgaaaaa tggatcatt ggtctctcag ccctgacctc tctcagttat caggcactca 2160
ttagagatgt cagaagattt taagataccc ctagtcttct cctgtgaaca acagaggtaa 2220
taaataaact ctgacatcgg ttgaacatgt gtcagggggtc agactgcaga tcccagttct 2280
tgccagttac ttgctgtata accgtggaca aattgtttta atgctctggg cctcagcttc 2340
ctcacctaca aaacaaaact tgtgaagatt tagcaaaata aaaacacttc atattc 2396

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 869 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

15

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

20

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:19:

25 ggcgagtcgg ggcgcaagcg cggggccgga gcggccttcc cggagtcctt tgcgcggcac 60
ctggcgacaa aatggctgcc cgagggagac gggcgagct cagggccggg aggctccggg120
ccccgcgggc ggtggcgggtg gcgggagccg ttgggctgag tcgggatcgg ggacgtcgcc180
cgagagcggg gacgaggagg tgcggggcgc gggttcgagc ccggtgtcgg gcggcgtgaa240
30 cttgttcgcc aacgacggca gcttcctgga gctgttcaag cggaagatgg aggaggagca300
gcggcaacgg caggaggagc cgcggccggg tccgcagcga cccgaccagt cggccgcgc360
cgctggcccc ggggatccga agaggaagg cggtccgggc tccacactta gcttcgtggg420
caaacgcaga ggcgggaaca aactagccct caagacggga atagtagcca agaagcagaa480
gacggaggat gaggtattaa caagtaaagg tgacgcgtgg gccaaagtaca tggcagaagt540
35 gaaaaagtac aaagctcacc agtgcggtga cgatgataaa actcggcccc tggtgaaatg600
acgccccctcc cccacctgcc catggcctgg gactctctgc gatgtacata actatttaaat660
gcagcggcag gggcgacagc ttccctgaga ggacttaaaa gcagaaggaa accgagatgc720
ttccgcgacg cgtggacgat tctccaggac tcttttttta ccttgagcac ttgcctcgtg780
40 agaccttcaa tagaaccaag tgggggtttac tgtgcccccc cgtttttgac cttccttaaat840
tgttttgttg ggtttttgct tgcctttgc 869

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 20:

45

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1462 Basenpaare

50

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

55 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

60

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

65

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:20:

aagaaagggc	tagtaagttg	gtgaaatacc	tgttggttaa	ggaccagaca	aagatcccca	60	10
tcaaacgctc	agacatgctg	agggatgtca	tccaagaata	tgatgaatat	ttcccagaaa	120	
tcattgaacg	agcaagctac	actctggaga	agatgtttcg	agtcaatctg	aaagaaattg	180	
ataagcaaag	tagcttggtat	attctcatca	gcactcagga	atcctctgca	ggcatactgg	240	
gaacgaccaa	ggacacaccc	aagctgggtc	tctcatgggt	gattctgagt	gtcattttta	300	15
tgaatggcaa	caaggccagt	gaggctgtca	tctgggaggt	gctgcgcaag	ttggggctgc	360	
gacctgggta	tgatttggtg	tctctcagcg	cttgctgtcc	gtgttgctct	ttggcaagag	420	
aggacgggtc	taggattgca	tcagtctggg	ggctctgggt	agcgggtggg	gtgctggact	480	
gggtagaggg	cccagggttc	tgacctgggt	ggatgatggg	tgaatgggtc	tgaactctct	540	
gctccctctc	tcagtgtctc	ttgggtctct	atggagcttc	cctcttgtgc	tggaaacctc	600	20
ttttccatct	tgaaatgcc	tctgccaca	tctgggaagt	gccatagcct	tgagtgcact	660	
tctctcagga	tacatcattc	actctttggg	gacgtgaaga	agctcatcac	tgatgagttt	720	
gtgaagcaga	agtacctgga	ctatgccaga	gtccccaata	gcaatcccc	tgaatatgag	780	
ttcttctggg	gcctgcgctc	ttactatgag	accagcaaga	tgaaagtcct	caagtttgcc	840	
tgcaaggtag	aaaagaagga	tccaaggaa	tgggcagctc	agtaccgaga	ggcgatggaa	900	25
gcggatttga	aggctgcagc	tgaggctgca	gctgaagcca	aggctagggc	cgagattaga	960	
gctcgaatgg	gcattgggct	cggctcgag	aatgctgccg	ggccctgcaa	ctgggacgaa	1020	
gctgatatcg	gacctgggc	caaagcccg	atccaggcgg	gagcagaagc	taaagccaaa	1080	
gccaagaga	gtggcagtgc	cagcactggg	gccagtacca	gtaccaataa	cagtgccagt	1140	
gccagtggca	gcaccagtgg	tggcttcagt	gctgggtgca	gcctgaccgc	cactctcaca	1200	30
tttgggtctc	tcgctggcct	tgggtggagc	ggtgccagca	ccagtggcag	ctctgggtgc	1260	
tgtggtttct	cctacaagtg	agattttaga	tattgttaat	cctgccagtc	tttctcttca	1320	
agccagggtg	catcctcaga	aacctactca	acacagcact	ctaggcagcc	actatcaatc	1380	
aattgaagtt	gacactctgc	attaaatcta	tttgccattt	ctgaaaaaaa	aaaaaaaaaa	1440	35
aaaaaaaaaa	aagaaaaaaa	ag				1462	

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 21:

40

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1676 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

60

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:21:

```

5  gcgttctctcg agccggccccc aggtcaccgc cagcacgcgc ctgcttcccc tctgcgcgag 60
   tccacgcagc tccccaggcc cttcaccagc acagcagcag caggcatggc agcaagcgtg 120
   gagcagcgcg agggcaccat ccagggtgcag ggccaggccc tcttcttccg agaggccctg 180
   cccggcagtg ggcaggctcg cttctctgta ctgctgctgc atggtattcg cttctcctcc 240
10  gagacctggc agaacctggg tacactgcac aggctggccc aggctggcta ccgggctgtg 300
   gccattgacc tgccaggctc ggggcactcc aaggaagcag cagcccctgc ccctattggg 360
   gagctggccc ctggcagctt cctggcggct gtggtggatg ccttgagctg gggcccccgc 420
   gttgtgatca gtccatcact gagggtgatg tactccctgc ccttcctcac ggccctggc 480
   tcccagctcc cgggctttgt gccagtggcc cccatctgca ctgacaaaat caatgctgcc 540
15  aactatgcc a gtgtgaagac tccagctctg attgtatatg gagaccagga ccccatgggt 600
   cagaccagct ttgagcacct gaagcagctg cccaaccacc ggtgctgat catgaagggg 660
   gcggggcacc cctgttacct ggacaaacca gaggagtggc atacagggtg gctggacttc 720
   ctgcaggggc tccagtgaag cccagcactg ctgcaggggg tgggctgcct gcctgctctg 780
   agctctctct tgcacgctct ctcttctctc ccaggctctg gctcatgcac atgcaacagg 840
20  ttctcttgta tatatgtctg ggttcttctg ttttgtggtc tgtttgtctt ttctacctct 900
   ttctcttgca gtgatagact gagggggtaa aatcaagaga aaaaactctc aggaatcaag 960
   gaacataatc ctgtggaggg taatccatta catgagcttc tctgtttctt ccactttcct1020
   gcctggcttt cactccttcc cctgctctgc ccagcctttc cctcccacc actcctcctt1080
25  ctgcaaatgc cctgaaggcc agcccttacc ccaacacca cttcccacc tcttagggc1140
   ccagatacat acatgccac atgcacgctt acatgtttag agccatcctt gtttccaaat1200
   atgacccttc gcttgagggc aactgcatag gtacatctaa ctctggactg gcatgcacat1260
   tgtcatgtgc agctttgcat atacacacat gcatacatga gcctccacac aagcacttgc1320
   acacatgtgg actcctaacc atgctaacct cactggctgg gaagggtggg accccatggg1380
30  ccagcccttg caggaggccc ttttgcaagg cttagggtgt ggccagccct gaaagctact1440
   tggacacagg tttagctgg cccagcccca gaagtgaacc ccagaaagg agggccaccg1500
   ctttgccccc tgcttttacc cttccttctg ggtgctctac acctcaggtt accaggcctg1560
   aggcattctc gccaaagctt tttcctgctc tgaggcttgt ggggtgggag ccagagtggg1620
35  ggtcggtgaa ataaagtgat gcaattagaa aaaagaaaa aaaaaacaga cgcggc 1676

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 22:

- 40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- (A) LÄNGE: 602 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - 45 (C) STrang: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
- 50 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 55 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - 60 (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
 - 65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:122

```
tccaccatta attgggggtt tttttccctt cctttcttcc cacagcactt tggatatcca 60
ggcagcggct tccttttggc gatattaaat aaaaaaacga aacaaacagt gggaaaaaag120
taaatagaagc ccaactacct aaccctttct tatttgattt tgttttagta ttgtgaagtt180
gtgttaaata gtactagcta gaaatacaaa tttctgggta tcatttctct tccctgtggc240
acttgacatt ttaattgtct taaagttttt gaagtacatc ttctggcccc ttgagtactg300
ccagaggcaa aagatgtttg tttcttattc attccacttt tgtctcctgg gatcccttct360
gtagcctaaa gtatggctgg gaaatggact tgagaagatt ggcttgaatt agatcataat420
catgtgtgat cccatcatga attcattgga atttgtgttg catgtaaggc aatctttcct480
gttgtaaatac ttcctttttt aatgtacata tattttgaaa aatatgaata aacatgaaat540
tttaaaagct gctgaaaaaa aaagaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa agaaaaggag600
at 602
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 23:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 357 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:23:

```
aaagatgggc tatattatat ctgtaacctt actgaagtgg tcaggtacag aataagacac 60
tgatgcaaga agcagagagg taaaatcagg atcaaagccc tgagtagacc acagagatgg120
atttaataca caaattgatg tgtgagtcct tagataaaag tagggacagt tcatttggtt180
aaataaaatg tacggtagaa tacgaagtta caaatcacgt tgccctttccc tcaacaaata240
catacatata ctaacttaac tggctttcca ccacgcatga tttaatgcc aattgtttac300
aatggtcctg aagatccttt acatcccggg cagtgcatac gttctctgac ttgtata 357
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 24:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 656 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:24:

```

30 tttagaattc agcatagggt gaggtcagaa agcaattcag gcatgagcca cccgtgcccg 60
   cttcacacccc atttctttaa aaaggatccc gtagcaggca gaaaagcccc ttccatcctg120
   ctctctctgat actgtgcccc cttggagata ttccgctcct ccacccacgt gtctgtggct180
   ggaactgccc agcctgctcc tggccccctg gaagcctccc cacagctggg aatctggact240
   taaggattgc tgggccaccg cctctctgcc taccaccatt ccatatttaa gtggagcccc300
35 tacgtagaaa ggccccgggg ctttatttta gtctcctttt cagggatgtc gtgggcgggg360
   gaggggggttc ttggtgctac agccctctcc ccaccctaa agggacgccg acgctgtttg420
   ctgccttcac cacatattag tgcttgaccc tggcagggga ccccatggaa aagatgggga480
   agagcaaaat acatggagac gacgcacct ccaggatgct cgctgggatt cccacgcccc540
   ccactgtccc ccaccccatg gctgggaggg gcctctgaac ggaacagtgt cccacagag600
40 cgaataaagc caaggcttct tccccaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaa 656

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 25:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 745 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:19:

```

gcctgatggg ctggagccag actgtggtct gaggaggaga cacagcctta taagctgagg 60
gagtggagag gcccgggggc aggaaagcag agacagacaa agcgttagga gaagaagaga 120
ggcagggaag acaagccagg cacgatggcc accttcccac cagcaaccag cgccccccag 180
cagccccccag gcccgaggga cgaggactcc agcctggatg aatctgacct ctatagcctg 240
gccatttcct acctcgaggg tggaggccgg aaaggtcgca ccaagagaga agctgctgcc 300
aacaccaacc gcccagccc tggcggggcac gagaggaaac tggtgaccaa gctgcagaat 360
tcagagagga agaagcgagg ggcacggcgc tgagacagag ctggagatga ggccagacca 420
tggacactac acccagcaat agagacggga ctgctggagg aggaggaccc aggacaggat 480
ccaggccggc ttgccacacc ccccaccctt aggacttatt cccgctgact gagtctctga 540
ggggctacca ggaaagcgcc tccaacccta gcaaaagtgc aagatgggga gtgagaggct 600
gggaatggag ggcagagcca ggaagatccc ccagaaaaga aagctacaga agaaactggg 660
gtcctccag ggtggcagca acaataaata gacacgcacg gcagccacaa aaaaaaaaaa 720
aaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaa

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 26:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 843 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:26:

```

gtcacacatt ccaggaccca aatccgtaaa cacaaagcat gtccgtcagt gccagcacct 60
ccccccggct agtcaagcag ctgtcccaga gggcaaaggg tctctgcagc catctgcttt 120
catcagggct gcagccccc ggcagcagta ctgggagccc ctctcatctc cgagaataaa 180
ctctgaagcc agcgaccctg cggacctgaa tcatcaggga gcctgtcaga ggagggggcag 240
tgactctgcg ggacaagcaa gcaggctata taagtctcag aaggctgggc tccactcaga 300
tcttttccag cagctgctgc ctgccagaga ggcccttca gagaccagc gcttacacaa 360
taccaccat gtcccaggct ggtgctcagg aagcccctat caagaagaag cgccccctg 420
tgaaggagga ggacctgaag gggggccgag gaaacctgac caagaaccag gaaatcaagt 480

```

ccaagaccta ccaggtcatt cgagagtgtg agcaagctgg ctccggccgcc ccgtcgggtgt540
 tcagccgcac ccgcacaggt accgagactg tctttgagaa gcccaaagcc ggaccaccca600
 agagtgtctt cggctgagaa gtgtgcgcca ctccccttgc tgcccgaatg ctcggaaca660
 5 ggagccttac ccaggaactc ttttttatgc cagaacgctt cctctcccct gctgtctctg720
 gggctgccac cctccccac agtcaggcc cttcagccaa gggctctgca ccagcacctt780
 ggaagcacca ataaagagga tgcccacgtg gcccagcaa aaaaaaaaaa aaaaaagtcg840
 agc 843

10

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 27:

15

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1217 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

20

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

40

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:27:

45

aacatattgt tgaaaggtaa tttgagagaa atatgaagaa ctgaggagga aaaaaaaaaa 60
 aaagaaaaga accaacaacc tcaactgcct actccaaaat gttggtcatt ttatgttaag 120
 ggaagaattc cagggtatgg ccatggagtg tacaagtatg tgggcagatt ttcagcaaac 180
 tcttttccca ctgtttaagg agttagtggga ttactgccat tcacttcata atccagtagg 240
 50 atccagtgat ccttacaagt tagaaaacat aatcttctgc cttctcatga tccaactaat 300
 gccttactct tcttgaaatt ttaacctatg atattttctg tgccctgaata tttgttatgt 360
 agataacaag acctcagtgc cttcctgttt ttccacatttt ccttttcaaa tagggctctaa 420
 ctgagcaact cgcttttagt cagcagcctc cctgaagacc aaaattagaa tatccatgac 480
 ctagttttcc atgcgtgttt ctgactctga gctacagagt ctggtgaagc tcacttctgg 540
 55 gcttcatctg gcaacatctt tatccgtagt gggtaggtt gacactagcc caatgaaatg 600
 aattaaagtg gaccaatagg gctgagctct ctgtgggctg gcagtcctgg aagccagctt 660
 tccctgcctc tcatcaactg aatgagggtca gcatgtctat tcagcttcgt ttattttcaa 720
 gaataatcac gctttcctga atccaaacta atccatcacc ggggtggtt agtggctcaa 780
 cattgtgttc ccatttcagc tgatcagtgg gcctccaagg aggggctgta aaatggaggc 840
 60 cattgtgtga gctatcaga gttgctgcaa acctgacccc tgctcagtaa agcacttgca 900
 accgtctgtt atgctgtgac acatggcccc tccccctgcc aggagctttg gacctaatcc 960
 aagcatccct ttgcccagaa agaagatggg ggaggaggca gtaataaaaa gattgaagta1020
 ttttgctgga ataagttcaa attcttctga actcaaaactg aggaatttca cctgtaaaccl080
 65 tgagtcgtac agaaagctgc ctggtatata caaaagcttt ttattcctcc tgctcatatt1140
 gtgattctgc ctttggggga ctttttctta aaccttccag ttatggattt ttttttttca1200
 taacacttaa ttgggaa 1217

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 28:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 977 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:28:

```

gagaattccc gccatccacg ttttcaaaac caaaccaacc ggtcccggcg tgctttgcga 60
tcctgcccga caaaagcatg gcggcgctca gggccccgcc ctgatcccaa gatgcaccgg120
ggagtaggtc cggcctttcg ggtggtcagg aagatggcgg cctctggggc ggagcgagg180
tcctggtaca atacttggtg ttacgaaagg atctatcaca agctccgttc tcctggccgg240
cggggcgact ggtagcgag gcttgtcac cggccaccgc ggccttgac actcaccgcg300
accaccgca cacagccgct tacctccaag agctggggcg catgcgcaa gtggtcctcg360
aggccccaga tgagaccacc cttaaaggagc tggccgagac cctgcaacag aagaacattg420
accacatgct gtggcttgag caaccagaga atatcgccac ttgtattgct ctccggccct480
acccaagga agaagtgggc cagtatttga agaagttccg attgttcaag taactgctgc540
tttgatgtgt ttgaatacgc aggccacca ttccaaagca tcatgtgttc cttgcagtgt600
cagcttgctc ccgtctttca gttgtgacaa tttcttgagg gttaagcaca tgttcatatt660
aaagttgtca ttaataacta ctctctctta ttaataagtt caagtgggga aggtgggaga720
gcagtattgt ctggggatca ttgctcaa atagaagattt gttagactct cctgtggggc780
tcaaggaaac tcccttccag tcaactcggg ttgaaacttt gcttttgaat tccttcttac840
tcacatccag ttatcatatt tcattgaatc taagataaca tcaactttaa gatgcggtag900
tatttcatgt attgttaaaa aatatgccgg caaattaaac acttgtattc caataacaaa960
gatgttaaaa tatcaaa 977

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 29:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 556 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

5

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

15

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:29:

25 gggaccgcga aggaccggg accgcgcgc ctcgcgcgc cggactccg ccccgctgcg 60
aaccggctcg tgcgcccctc gccgcgcgc ccctggcccg ggagcgccg gagcggggcc120
gctttcctcg tcttgtaaa tgtttatttt ttaactcttc ccagtgcgaa ctctgctgtg180
agtgtgtgcg gggaggcgcg cccgcgcgc gtcggcgcg ggtagccact ccatgccctt240
gtccgatggt ttgcaactcc gattttgcac accgctccac cgtgcccccc agcgcacacc300
30 cattcacact caccgcaaca ctctcgctga acacttttat aattgttagg cgtggccggt360
gggacttttg gcgcagcgcg gctgctactg cgtctggagg attgatattt atttttgcat420
tgcgatggct gaaggcattt atttaacgat ctttttacct ggatatgtct gtgaggctcc480
tgaaaggaga caaataaagt caatatattt gcacagtgc aaaaaaaaaa agaaagaaaa540
35 gagaagggttc gagaaa 556

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 30:

40

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 116 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

45

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

60

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:30:



ggatatacctc aattgcgatg gctgaaggca tttatttaac gatcttttta cctggatatg 60
tctgtgagggc tcttgaaagg agacaaataa agtcaatata ttgacacagt acaaaa 116

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 31:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2169 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:31:

caaactgttc gcaagggcag cagctggcga ctttctccag tgactgggaa atccaggaag 60
acagtaggct catgtgctcc tcggtgcaga aggccttggt tgaggaggag gaccacgtca 120
agaaaactgca gcagaaagtg gccaccctgg agaagcgcaa ccggcagctc cgggagcgag 180
tgaagaaggt caagaggtcc ttgcggcagg cgcgtaagaa gggccgcccac ctggagctgg 240
cgaaccagaa actcagttag aagctggcgg cgggcgcgct gccgcacatc aacgcccggg 300
ggcccggtgcg cccccctac ctgcgggggt aacgggcctg ggggctgcca ggtgtgcagg 360
gccaatcctg gcggtaatg agaattagtg aggtttccta catgcagcta tttcaagggt 420
tgtaagagtt tttgttttta atcacgcatt tggtagagtc taaatggata aaatgcaagg 480
cttgctttcc ccttgggtgc tggcctcaat gtcagacccc acgcgctgcc ccttcctggc 540
ctgaccccag acgcagtgc tggcagtcca gaggcagtgg gatccctgag tgetgaatgc 600
tcgcctgcag agcagcccag aaagagccct gactggggag agaacatttt agaattctta 660
gtgtaaaaga catcaacgtg cttagccttt atttcagaaa aaaatcaggg tggttcccag 720
ctccccagtc caggacaacc attagtcctg atgagttagc tgacgctggt gctggaacct 780
gctggcacct cactggccac atctttggaa ggggatggtg gccttgcatc caagatgcct 840
gaaaatcagc acgtgcaggg cctccctatc cagccagcat tttccttcca gctgaggcag 900
gtgaagactt cataagctca tcacagggga gggaattagg agcagggcag caggtaatta 960
aacaagataa attatacctg atttccaaca ccagctacaa agagttgaag atgataccta1020
tgggtcgcgt taacacaggg ggcaactgcc ttgatcggcc tgccatgggt catcagactg1080
cttcctaaat tgagagaaac tgagcaatct ctcagccact gctatagtct aacttcttgt1140
ttgctgagta attgtttcta atgtctctga actcaaagtg aggtgctcca agacgctgtg1200
aacttctgca aagacacctc cttacctact gggatcacgt gacctgacct cactcccagc1260
caggctccca aagggtcat tccagccatt ccaatctctt cttcttttat caaacacttt1320
tccccacaa caagccttgt ttgttccgat aggaatacgt gtacgtcagt gcacttgtcc1380
ttacgtcagt tccttacacc accaaagcac ttcaccttcc tggaataaaa acttttaaga1440
cactactata agtaaaaatg agagtattca ctgaccttat tgctcaggca catttgagtg1500
ggctcccagct gtgtgattaa gaagtcaact ggggtggcctt ttctgggtta tcttctgatc1560



atggcctttc aaccaacaa gggcccttc ctgctcttc accagtaaag gtcctggcc1620
tctcatcagg atctgcccc cagagacccc cccagacact gcagggcctg gtgatgctgt1680
cctctgtacc ggaaatggca ggcactgtca gatttccact cttctgcctt taggaaggct1740
5 ggggtgcttct tgctctgaca gccagtctgg ggagatgact cttacgttgc ttgagtcttg1800
gtggcaggct gctgtccacg ggggagaagt ctctgctctg gactggacag aagagagact1860
tttaccctgg ggcactcaca cggccaagct tctgccacca cttcattagc tgtattctcc1920
atagtatggg gaaatagcag gtgcgtcttc tagttttatc ctcctgggga catttcctca1980
aagcagtttt gcgccccgc aagggaatgg tcagcctaag ggtaatgtac agcccgtgct2040
10 tggagaacca tggaaagctac acccctacag gtgcatactg ttctgctttt ccaataaata2100
cgagcggcga tttcaaccac aaaaaaaaa aaaaaaagcg gccgaagtta ttcctttgta2160
gggtatttta 2169

15

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 32:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
20 (A) LÄNGE: 232 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRang: einzel
25 (D) TOPOLOGIE: linear

25

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

30

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

40

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:32:

tttttttttt tttttaagct ttctagatga ttccattgca gtcaagtttg agaatgcact 60
50 ggggttagaa gctgctaaga tgcaggagga ggagtatcta tcagtagaaa gggcaattag120
actatgctga tacaattgat ttattttgtc atagaatagc agtatgacaa aactatattt180
gtattgccct tttctttttc tggttatatt gtggcatctt ttttactcgt gc 232

55

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 33:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
60 (A) LÄNGE: 595 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRang: einzel
65 (D) TOPOLOGIE: linear

65

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:33:

```
aatcaatcga attagacaga tgtttaagtt ttctaattct gtggactatt acccagcacc 60
tcagcctggg tgttgagtta gcatcctctg agacactctc tctgtgtcct aaagccctgt120
gagtgtgcac tcagtcggg ctccttgcta ctgctcctca ccctgggtgct cctgacttct180
aaaagtcttg agggaagaac tgagagtaaa tttgggatag tagaaaataa atgcagggttc240
ttgagtagaa atcattgtga gggagcagtg tattgtagaa tgttatgaca atcaatttat300
caataataaa gtaatagggt gttggcactg tgcaaagtga actcctcaga gtagcaggga360
aaagagaaaa cagtaacaga tctgcagacc cctgtagggt atagttgcaa cccagagaca420
gaggtccctt tgatatggct cctaggagac aaaatttatt taaaatggga aatggggaat480
ctgttgagag ggtaggggtg gggatatatt gcactttggg aaggcaccct tgtatgccac540
cttttttttt ttttcttcca gtgaaaacac agggcctcct tgtgaacgca gagtt 595
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 34:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1089 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:34:

```
cggacgggtgg gacggacgcg tggggttcta gatcgcgagc ggcacccctt tttcccgccc 60
ccagattgat aagtaatgaa agtgactgc agtgagggtc aaaggagagt caacatatgt 120
gattgttcca taataaactt ctggtgtgat actttcatct tgtaaatctg ctttctttttg 180
```



ggaagatatt gagatattta aatcatggcc caccttacc aaataggag attctgttca 240
tctcatatct agtattaatt agaaaaataa ctacataaaa agaaggaagc taagaaggca 300
ctcactcagc cataaattct ctaaaccctc tctaccttgg aatccgtgaa tggaatctgg 360
5 tatgtttttt gcaggatttt cctattgtaa attgtggcaa atacagggtt cccttcattt 420
gcttttcatc tcttatgcat caaagtcaaa aacattttctg tatcaagata atctagaaga 480
gaaaaaagga ggaaaaggaa aagagaaagc agaagggaca aataaaagca attggcaaaa 540
actgtcaata atagtttata cacttaacta tatcaataat cacattatat gtaaatagtc 600
taaacaatcc aattattttt tactttact tatgttataat ttttacttct acatttggtta 660
10 aaggttccac gctacatttt tactattctt gctttaaata attttaataa tttcttttaa 720
agtttagata ataagaaaat atcccgggcc aggcacagtg gccacacctg taatctcagt 780
agccatgacc ataccaatgc actccagcct gtgaaacaga gtgagactct gtctctacag 840
aaaaataaaa aagaaaagaa agaaaagatc tcatataattt acccatgtaa ttttcatttc 900
ctgttttctt cattcttctt tccatctggt gtcacttcct ttctgcctga cgacttcctt 960
15 taacgttttt tatagttcag gtctgcagga ttctttaagt tttgtatgct tgtttttattt 1020
cttgaagat attttcactg tatattgaat cccaagttgc cacgtttctt ttaattattt 1080
gaaggtagc 1089

20

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 35:

25

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2510 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

30

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:35:

55

cagagtga aa ccttgtgcct ggtgaccaa gtccctccaa agtgcctctt cttctggggtt 60
attcaagcca aatatctggg tttccccctc tctcatttcc ctagcaaaacc ccaattatct 120
tccaagatag gagatatttc ccatccccctt cctttgtaaa tatctcatct cccactggag 180
agcccaggag cctattcctg gcatggatgt tctgtccaca cttgaggctg ggcggtgtat 240
60 cagacccttc aagcagcctg gctggggccc aggactgagt ctggggtcag ctttcacggt 300
cgcttttccc ttcgtcacca cccaccacag cccaccttgc atgcatggcc agcccctcca 360
ctccagcctg agccatgtgt gcccctgcgg gaggacccat tcatgccaga aagctggtta 420
ctccctccca gcatccctgc ggaaggagtc agtttctgag agtgtgactt ttcaaggcga 480
atgatgggga agggttcccc agtccccaca gtggccccac ctctggggccc tgcaccagag 540
65 cccttctgtg tcacggcggtg ctgtgcaccc atgcacacac ctacgcacac acaacactcc 600
gcactgcagt atattcttgc caaagatttc ctttaaaagc aagcactttt actaattatt 660
attttgtaaa tgtttatctt cttctgtctt ctccctccct gaatctattt tactgttggt 720


```

tattgttgaa tctgtgtgtc agccaggaga ggcgtgtctg gccttgaaca tgggctggga 780
tgggaaaggg tctgggagaa gatgggcaac aaagagccag ggagtcattg acatcgacgc 840
gacgcagacc ccagcaggtt cagtcccggt ctgccaccag ctgtccagct ggggtgtctgg 900
agggaaagagg gcagaggagg gtcattgtccc ttcagctggg ggagggggccc agtgagctcc 960
acgtggcttt ttcccaaagg gagcaagagg gaaggattgg gcgagaaaac aatggagagg1020
ggacctgcga aggaaaacag ggaggaagtg agcggtttga tcagcctgct atcacgggtgt1080
tctggctctc ttatttagcc aggcgcttaa gggacagata catcacatcc taagtttggg1140
aaaggccttt gacccatgtc atctgagcgt ctccctccagt agctctgaaa gctgtggaca1200
ccaatggcca ggattccttc tcccctgggt tttgaggatc cctgggtctt ctgagactgg1260
ccaggagagg gatggtgggg ccagtgggtt tgtgaaagca ggagggggcag ccctcctgga1320
caagtgtgat cccctataaa acggctctca ggaggttagt gagtaggaga ttctgccttg1380
ttctgatgag cctgtgcagg ggctccaggg gacatgtctg tccagggggc acagaagggt1440
ggtgagtgtg atcaaatcta gtctcaactc cacttttttag tctcaactct acttttgtcc1500
accaccctg cctcctggat cttctccccc ttttttttcc agcttttaga cctggggaga1560
tcctgtgagt caaggcagac acccaatcct gccccccacac tcgggggtcct ccaagagggt1620
ggggggcaga gtcccagagc agcccttttac cccagggtcca ggccctggaa tctgagact1680
cgcgcttctt tggccagtgg taacacagga cgtgtgtgct catgtgcaag tgtggatgta1740
tgtgtgtgct tgtgttttgc tcatttcttt agggaaactg ggagtcgggg ttggagggtgc1800
tgggcaatgg aacttcaaata tcaatgtctc ccagcagtga ggggagtcgg gaggtgaggc1860
ctgtaggcca accaatttgt ggagtcctag cgatagccca ggtgagaagt ggttcaccca1920
gaggggcagg gtgggggcct cgggcagatc tgtccctctt ggccctctct tctcaaatg1980
tccaaaatgt tggaggacct ctgttcatat cccacgcctg ggctcttgcc agcagtggag2040
ttactgtaga gggatgtccc aagcttggtt tccaatcagt gttaagctgt ttgaaactct2100
cctgtgtctg tgttttgttt gtgcgtgtgt gtgagagcac atcagtgtgt gcaggctgtg2160
tttccccatt tctctcctcc cttcagacct atcattgaga acaaatgtaa gaaatccctt2220
cccaccaccc tccctgcctc ccaggccctc tgcgggggaa acaagatcac ccagcatcct2280
tccccacccc agctgtgtat ttatatagat ggaaatatac tttatatatt gtatcatcgt2340
gcctatagcc gctgccaccg tgtataaatc ctggtgtatg ctccctatcc tggacatgaa2400
tgtattgtac actgacgcgt cccactcct gtacagctgc tttgtttctt tgcaatgcat2460
tgtatggctt tataaatgat aaagttaaag aaaactcaga aaaaaaaaaa 2510

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 36:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2058 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:36:



atgctcttga ggatgagggg tgggcagcag cgccccccag ccccggtca gccgcagca 60
tgggcagcca caccacacgg gacagcagct ccctctccag ctgcactcag gcatcctgga 120
ggagcgcagc ctgccttccg ggggcccggac agggcccggg ctgctgtctc aagacagcca 180
5 gacaaggagt tctccttcat aatccgtgtg tgaggcggac agtgggtggc caccgggagc 240
tcttggtctg atcttctccc tgccccacc ccaactatgac ctttgacct acggcgcagg 300
ggcagccagg acccttgatt cagaccatgg accctggacc ttgtagatga gggacactgg 360
cctggccctc gggctctcgg aggacgtagg gggctggcat ggtgcccagc tggctgcctg 420
acttcatcat gctccctgca cttaggctgc gtgggacaag ggctgtgttg tcacagcagg 480
10 aataggtttt cctctgttgg cctccctttc ctccaccctg gcctcaaagt gatgccagat 540
gccaacccca gttctggcca cgtacagcca gcgggtcagc ccagaggcag cctcagctcc 600
agggctaagg actctcggct cccattttct ctgctggcgt ttctgtgtgtg ccagcagtg 660
gctgctgggg aagcagctgc agcaggagg agacgggtct gcctctcagc cctcctctgc 720
15 cccaccccag ctccctgcct ggaaatctgg agcccttgg agctgagctg gacggggggc 780
cagctgcgag catgtgcact aaacgcagcc ctttccaggg gaagagaaca ggtggagaa 840
tggaaggaaa gccccccagg cttcgtgaat tgcaagaagg gaccttcca ggatgacat 900
aggaacaggg ctagggcact cgtcagtcct ctaggggctt gtttgttctt tattattgtg 960
tttaaatcct tatagagcaa tatcaggatg gtgttaatat gtctgcctca gaatgagaat 1020
20 caatcctttt agaaaacctt tatactaagc ctctcttca aaattcacag tggcgattag 1080
cggactggag tctggtggcg attagcggac tggagtctgg ggacatccgt ggcaaagacal 1140
ccagctcaac tttagtgtct cccaacttta tttagaatga catgggggtg gtgtctggtg 1200
tgtgtgtttt ccctacgcac ctcccatagc tattaacaac tgagggaagg cagtgcagaa 1260
tattttttgga gaacgatttt ttttttaaat aatatatcat tcctatgggg ggaaagcctt 1320
25 ttttttcttt ttggtgagt tattccctcc ctccctcaa taccctcagt actgactact 1380
tccctttctt ttctcaggcc tccccccacc gacttttgag gccagggttg gccagattta 1440
gcaaaaaccaa aacagagtgc tgagttaaac gcaatttca ggtaaacaaa agataatttt 1500
ctagcattaa tatgcccac gcaatatttg gaacacttat gtgaaaaatg atttgttttt 1560
30 ctgaaattca cgtttctctc tgagtctctg aactgtcccc gaggggattg agcagaagct 1620
cgggtatgag ccctgagggt gactgccggt tatttttctg tcctgggaac agcctgacct 1680
acctccctgt ctccatgtag ccagtggagg gagggggaga cacagaacca accacagcca 1740
ggggcgctcc catggcgact gtggcccggc ccctcctctc ttgctgact ctctctctt 1800
gctgactct agacactaac ttagttccag gttcgggtgc ctgttggtgc tcctgtttcc 1860
35 aatagcttag gtcccattgg gggggaggaa cctcaggggc tatgcagccc ccgccagctg 1920
ccctogaatc ccgtccaggc caattccaga ttctaaactg atttttttca tgatattgtc 1980
aaaaacagtga ggaacatta aaaaaaaaag ccctaaagca aaaaaaaaaa aggaagagga 2040
aaaggaaaaa aaagaagc 2058

40

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 37:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 45 (A) LÄNGE: 2073 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRang: einzel
50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

60

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

65

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:37:

taaattttcca aatgttccact cgaggatctt agaaaccaac catacagacg agccgatgcg	60	
gtgaggagaa gcgtcaggcg gcgctttgat gatcagaact tgcgttctgt taatgggtgcc	120	
gaaataacaa tgtgaacctg agactggcct gcatgaatac aggggtgtgcg tgaatgaaac	180	
tgcccacatg aacttttatgt gctacgattt aactgcagcc ttgaacacac acaaaaaatat	240	
tcttaagggc tcagatttag caaacacaga agaattttta aatgagctct cttttcaacc	300	
cttgттаааа агтgcctaaa aatggaagta cctgttcaga ttaatcaaag caataggatt	360	10
tgatttgatt aggtatcttt ttacaccagt atgttatttt taaccaaаat gtaaagttct	420	
tattaaactc attacctgoc attgtgattg tcccatcatg gccacctgg tttcctgatg	480	
ttgtaaataa catcaatgca tctgctgtgg gtcctttgct gagatgtctt cgaaggaaatt	540	
ttgttttagc catatccatc aactttgtat tttacttgca atttggaaga aggaaagtca	600	15
catgatgaaa ctcccttttgт ctataaccag gccctggcaa agtgcaaaаа ggatgcaact	660	
gcagtggcac aaaggтсact caatcctttg tttccagttt cacattctac tacttctgtg	720	
ctagagaacg atgctctgtg agaggcattc actagtatga atgtggggat atagtgata	780	
agacttattt gcagtactgt gttcttcagc tagaggcagc tttttaaata atgcaagttg	840	
atттtattagc attaaaatta acatctcagt aatcagcatt agcattttctg aggaccatta	900	20
ttaattctga gaacagaaat tggтgccttg caaggaagtt tactagctct atcaacaagc	960	
attcaaggtt acatctgcta gcagagtagt gtttaggaacc tggccttact ctctctgac	1020	
aatcgcaatt ttttcttatt ttttataaat tcaagaagat acacttggca tcgtgtatcg	1080	
aggctaagtt tttcatgcat ttcccagact acttatggag aattgcagtt taagttgctg	1140	
aaaagtatta acatggtatt aagcttaaаt aatacgtaat gggactagat ggccactaa	1200	25
gccactgtta ttttccttcc tctctggcag ggcacttgat ccattccaaa gtcaaaaact	1260	
ggactgaagc taaatttgta cttttcataa tatacattct gcttctggct tatcttcttg	1320	
gtacatcaat atattaattg taaagtttat tgtatagtat ttaaccgctg aagttcctat	1380	
tttatgttgt gcttatgtga accccttggt gaaggтсссt tttccttgga tgtgtagtta	1440	30
tatgatcttt ttaaаtgтac agatattttg ctataaaatc ggtgcagttt tttatggttt	1500	
ttacacttct ctttaattcc cacctaagcc tctgggtaat attgtaaata ttgttttaaa	1560	
atgcatcagc ctatgctata caatctgaat gttattttta cttatagttt tttttaatat	1620	
atataттtаа ctataaggac agtttaggga acaagttacc taccacattt cactttagt	1680	
tacctattta cagaaagatt aaactgccac ctgcgggcac attcccataa atgtgtactt	1740	35
tactttaaaa agaacatgcc acgattttgt ctttctgtgg actcaacatt cacttcgatt	1800	
aaaaatagca atttgaccaа gttggacttc cactacaaag cagctgtttt ccaaagttca	1860	
atgctgacat atatgtatat taaaataaаt gcctatttat taatctacaa atagacaacg	1920	
ttggcatggt cttttctgtt tgtctattaa tgggcctgct tcttagcaat attagaatgt	1980	40
tttataaaag caattcatgt tacttttctg gtcttttcat ggcatatgag caaataataa	2040	
actatttaca ctactaaaa gaaaagagaa gaa	2073	

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 38:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 269 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:38:

tttcccttct ttcccaggga ttgcctgta agcattcaaa ttgttttgaa tttcattttg 60
ccttctctaa gtttagagga tttaatgact gaagactggc aggagagaaa gtatcaacaa120
15 actgagtaaa ctattcttga ggggcactga aaaggatgtt ctttgaaact tgatttatat180
atctttactt gcaaaaggat atactgtgtt ttgagtatga aagtgtgatg ggtctgttgt240
ggggaccatg actgatgcca taattgcac 269

20

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 39:

25

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 386 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STrang: einzel
30 (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA
35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:
45

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library
50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:39:

55

cagggggaga cctggtgttc catgtaagtc cctgatgtct tagagagact gtcagagca 60
catgctcaga catcttgggc agggcatgtt aggcagaggc agagacagat gtaacctaata120
gaagggttaag cttgagggtta cttctcttgc ctgacatttt ccaaagctct gttatcactc180
ctggggacac tgggagggaac cgcgtgcttc cagctatgct gcttgtggcc taggagtccc240
60 tctgtggcatc ctcaggctgt ggggtgtatcc ggagagctgc ctgcactact tctaaatata300
tctagtcccc aggtcaacc ttattaaacc ttagaaagtt ttccctttttt tttttttttt360
tttttttttg aaacagagtc tcactt 386

65

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 40:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1491 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

10

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

20

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:40:

30

```

aggtgagtga ggcggaact gaggcacgga gtggggaagg agcgttggtt tcttaaagaa 60
acagcacctc ccccgctgt gcgtttcgtt ttgaagccgc tctaataccc cttcctgtgt 120
gctctccttt ccagacacgg cttacctgga tgggggtgctg ttgcccgaact tcgagctgct 180
cagtgaccct gaggatgaac acttgtgtgc caacctgatg cagctgctgc aggagagcct 240
ggcccaggcg cggctgggct ctcgacgccc tgcgcgcctg ctgatgccta gccagttggt 300
aagccagggt ggcaaagaac tactgcgcct ggcctacagc gagccgtgcg gcctgcgggg 360
ggcgtgctg gacgtctgcg tggagcagg caagagctgc cacagcgtgg gccagctggc 420
actcgacccc agcctggtgc ccaccttcca gctgaccctc gtgctgcgcc tggactcacg 480
actctggccc aagatccagg ggctgtttag ctccgccaac tctcccttcc tccctggctt 540
cagccagctc ctgacgtga gcaactggtt ccgagtcac aagaagaagc tgtacagctc 600
ggaacagctg ctcataggagg agtgttgaac ttcaacctga gggggccgac agtgccctcc 660
aagacagaga cgactgaact tttgggtggg agactagagg caggagctga gggactgatt 720
cctgtggttg gaaaactgag gcagccacct aaggtggagg tgggggaata gtgtttcca 780
ggaagctcat tgagttgtgt gcgggtggct gtgcattggg gacacatacc cctcagtact 840
gtagcatgaa acaaaggctt aggggccaac aaggcttcca gctggatgtg tgtgtagcat 900
gtaccttatt atttttgta ctgacagtta acagtgggtg gacatccaga gacagctgg 960
gctgctcccc cccagcctg gccagggtg aaggaagagg cacgtgctcc tcagagcagc1020
cggaggagg ggggaggtcg gaggtcgtgg aggtggtttg tgatcttac tggctgaag1080
ggaccaagtg tgttgttgt ttgttttga tctgttttt ctgacggag catcactact1140
gacctgttgt aggcagctat cttacagacg catgaatgta agagtaggaa ggggtgggtg1200
tcagggatca cttgggatct ttgacacttg aaaaattaca cctggcagct gcgtttaagc1260
cttcccccat cgtgtactgc agagttgagc tggcagggga ggggctgaga ggggtggggc1320
tggaaccct cccgggagg agtgccatct gggctctcca tctagaactg tttacatgaal380
gataagatac tactgttca tgaatacact tgatgttcaa gtattaagac ctatgcaatal440
tttttactt ttctaataaa catgtttgtt aaaacaaaaa aaaaaaaaaa a 1491

```

35

40

45

50

55

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 41:

60

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1790 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

65

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

5

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

15

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:41:

25 cccggggccct ccccggtgccca aggtgaaaac ccccggaagg caagggaacc accggggggtt 60
cccttggttcc cttttggagg gtgggtggggg atattttgtt ttgggtttttc tgcagggttcc 120
atgaaaacag ccctttttcca agcccatgtt ttctgtcatg gtttccatct gtccctgagca 180
agtcattcct ttgttattta gcatttcgaa catctcggcc attcaaagcc cccatgttct 240
30 ctgcactggtt tggccagcat aacctctagc atcgattcaa agcagagttt taacctgacg 300
gcattggaatg tataaatgag ggtgggtcct tctgcagata ctctaatac tacattgctt 360
tttctataaa actaccata agcctttaac ctttaaagaa aaatgaaaaa ggtagtggtt 420
tgggggcccgg gggaggactg accgcttcat aagccagtac gtctgagctg agtatgtttc 480
aataaacctt ttgatatttc tcaaggccct agtctctgct gtctccctc cccaccccat 540
35 ccttgcaag cactggggaa agtaaggcca atctggccct ccctgtgtga cccgccttcg 600
agttttcctt aacagttagt acatttcctt gtgttaccac gcattgggaa gaaaacgcac 660
ggccccagaa tgccaccccc acctgacctc cccggaagca cccgcctct gccagagca 720
tgtgcttget tctagagaat cccgttccag tcattgcgtg gacagaaaac gtaagagtcc 780
40 tggggagggg tgggagggaa tgaagctagg acctgggggtg ggggtggggg cgggtgcatg 840
cggaccgggt attctgaaaa gaaagaaatc ttcaaacacc tcggtcctgt ccggtgaaaa 900
aacgacagca ttacacattc tcgtgccagg aaatgggtac tcacccccgc tctctggagt 960
cctttggagc tttctgatac cattcacacg atggagcaat tcacacgttc gttttctaag1020
ttctttattg tccaagcata taaggtagac acagcacaac tggctgccat ggaaagtctg1080
45 gcttccccag cataagaaca gagccatctt tgagccatgg gaagcctcat ttaatgagac1140
ctttttcccc ccttttaaat ctgatattgt atcgcaacta ggggtttgtt ttattttggc1200
ttttaagggt gagagtgggc tgaacgcctt cataatgggg gcggaggcgg gagttagagg1260
agaaggaggag gagctgttct ttttctaata actacacctg aaaagtatca agagacatct1320
ttgccaagag actgtagcag ccagctgccc cccgtggagc aagggtttaa gacaaaatta1380
50 aatggcacct ctgtttaaga tctgcgtgtg taaacaagac tcgtttgggg aaaacgacct1440
gggaggagag catctgtgat caaaatctct cattgtaagc acaaattgtt ccgtgtctgg1500
ttattaaaaat cgctttgggt ctataacagc cactcttgtc ccccttttta atagaaaatt1560
gtcattctag cctggatttc tcccactgg aggtggaggg tgggaagaga agggagttag1620
ctctgacagc ttacaaactg ggaagttctg tgcattctca gggattccag agttgaagat1680
55 ctggttggtt gaagctgggc gccagtgct tttttttttg tgggtttttt ggcccaaagg1740
cgggtgagggc ccgctgaaaa aggggaacgc ggggggtggg cgggggtggc 1790

60 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 42:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 512 Basenpaare
65 (B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

5

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

15

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:42:

25

```
acgtgatctg caccggcgca gatgtaggca ccggtccgag tgccctgccct ctgtccccgc 60
ggctgggtct cgtctgctcc ggttcctggg ctccctaattc ttgggtccagc ttcttccagg120
tctgcgcgtc tgttggtccc agcgctctgc gaagctgaaa aggaggagca acctgtccag180
aatccccgca ggacaggaaa aggaggggaa atctcgacat ggaaaaactc tacagtgaaa240
atgaaggaaat ggcttcaaac caaggaaaga tggaaaatga agaacagcca caagacgaga300
gaaagccaga agtaacttgt actctggaag acaagaagtt agaaaacgag ggaaagacag360
aaaacaaggc caaaacagga gatgaggaaa tgttaaagga taaaggaaag ccagagagtg420
agggagaggc aaaagaagga aagtcagaga gggagggaga gtcagagatg gaggagggtcg480
agagagaggg aaccgcagggt aggggaagcg ga 512
```

35

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 43:

40

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1678 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

55

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

60

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:43:

```

5  ggccctatag tgagtcgtat gcggtgaagg tatgcttggc cggggggagt gagggcttcc 60
   taccacagat gctttatttt cccaaacact acaaaaaaac ttttaaaact ttgccatttc 120
   atctgggttac actcttttgc actgatttag agtattttaa tcttgcaaga atattttgtg 180
   ctttcttttag aaacacaaga gtatagattt ttctcactga aaagtgaagag ttacgcattg 240
   cagccatgaa gggatgctag gatcaattat ggcagtagct tttttccctt cctgttcttg 300
10 agccagttgt ctcttttgtt ttgggtccca cttaggatta atggatgtaa ggtatttttc 360
   tgtgccttta ttttgtgtca ttctatttga aggaggtgta acggcagaat agcatcgtgt 420
   tgggggtttt ccttcaaaca ctgcaagtga tattgccacc atgtgaacct caaatatgca 480
   atccagttgt gttggtttct cggtgacttg gagtgttcat ctcttcatga attgtgagca 540
   ctgaccatgt tcttcagttc ttaattatgg tgagttgaca aataccaact actgcttttc 600
15 ttttaggtggc tataaatatt ttactgtcag gaggaaatga cattatatcc tgttccactg 660
   aacgtcagag atcagcaggc actgtactgg gtagagaagt gcctataact ctctaccta 720
   gagggcagga gggaaaccc acagctcctt gtgagcctat atattagtag atcggcctgg 780
   agaggacaag ggaataagac cactcatagt gaggctggcc aagctgcact ggtcggacca 840
   ggcagtggct gacctaagga agacaacttg ctttgcttaa aagtagattt ttttaagcaat 900
20 gcttaacaca ggcagcattc acctttgttc aggccatcga catgtattgt taaaattact 960
   gcatatcccc ctccagatac aagtatacac tgttcattgt acgcaogcat gtgtcccaaa 1020
   tcttggttta atttttttt tctgaatgtg atcatgtttt ggatgatacc tgagcaggg 1080
   tgcccttttt ttatttatta ccattatata ttatattata ttatatattt tttgctttct 1140
25 tataactttg gaggaagtc aaatcttggc attattaaaa ttgttttaaa aaggagttaa 1200
   ttttccagtt gataaatgaa aatcacggc ctatgtttta taagtttttc ttttaattact 1260
   gtggaataac gtgccagcta tcatcaacac aatgattttg tacatagggt agggaagcag 1320
   tgatgctctc aatgggaaga tgtgcaacac aaattaaggg gaactccatg tattttacct 1380
   acttcagcaa tggaactgca acttggggct ttgtgaataa aatttagctg ccttgtatag 1440
30 tcgtttgaaa gaatatgtga tctgtgagag aattatagtt tttttttaga agaaaaatct 1500
   gcaaaagatc tttccaaaga caatgtgcc cagatctttt gttctctgta atgaggatta 1560
   attgctgttt aaacaaaaat gtaattgttc atcttttaaa tctttccttt tcataagagg 1620
   atcaagctgt aaaaaacaa aaaaattaat aaaaatttcg agaaatcaaa aaaaaaaa 1678

```

35

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 44:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 154 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

55

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

60

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

65

.- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:44:

tgttttcctg cgcaggagcc gcagggccgt atagccatgg cgcccagccg gaatggcatg 60
gtcttgaagc cccacttcca caacaaccct aagatccgca gacgtaaggc cgggcaagcc120
aaggcgccgc gcacgcgccg cgccccgcgt cggg 154

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 45:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1670 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:45:

aaactcttga aggaagctct aatgatagaa ttaggggagg gtaataaaat agacattttg 60
aatcatcttg gaatttgaac tgttgatct acatctggag caccatcttg attctccctt 120
tttattttcc cagacgaatt atcaataaac acactgatga gtcttttaggt gactgctctt 180
tccttaatac atgtttccac atggatacct gcaagtatgt tcactatgaa attgatgctt 240
gcatggattc tgaggccctt ggcagcaaag accacacgcc aagccaggag cttgctctta 300
cacagagtgt cggagggtgat tccagtgcag accgactctt cccacotcag tggatctgtt 360
gtgatatccg ctacctggac gtcagtatct tgggcaagtt tgcagttgtg atggctgacc 420
caccctggga tattcacatg gaactgccct atgggaccct gacagatgat gagatgcgca 480
ggctcaacat acccgtaata caggatgatg gctttctctt cctctgggtc acaggcaggg 540
ccatggagtt ggggagagaa tgtctaaacc tctgggggta tgaacgggta gatgaaatta 600
tttgggtgaa gacaaatcaa ctgcaacgca tcatctggac aggcctgtaca ggtcactggt 660
tgaaccatgg gaaggaacac tgcttggtga gcagcagtgg ggcccaattc aatagggtgga 720
gcacaaagaa gaatcatttg atttcttact gagaaaaagt tcaaagggtg ggtttcataa 780
ggtaactctg tatctgtggt gagcagggtg gtgtcaaagg aaatcccca ggcttcaacc 840
agggtctgga ttgtgatgtg atcgtagctg aggtatgtgc ttcccaggcc tccaaagctt 900
ccacattttt gttggtatca gttattcatg ttgggtgtat tctcatccca gatttttctc 960
atttagatca taaacataat agaaagggtt agaattgcaa tcttggtgtaa cttaaaaagc1020
agctagtttt tatttcctag gttcgttcca ccagtcataa accagatgaa atctatggca1080
tgattgaaag actatctcct ggcactcgca agattgagtt atttggacga ccacacaatg1140
tgcaacccaa ctggatcacc cttggaaacc aactggatgg gatccaccta ctgacccag1200
atgtggttgc acggttcaag caaaggtaac cagatggtat catctctaaa cctaagaatt1260
tatagaagca cttccttaca gagctaagaa tccatagcca tggctctgta agctaaacct1320
gaagagtgat atttgtacaa tagctttctt ctttatattaa ataaacattt gtattgtagt1380
tgggattctg aagtccattc tggctctgct acttaacagt gtataatctt gtgcaactca1440

tctctcagta ttatatgtga aatgggagta ttacctcatt ggggttctgt gaaggttcaal500
actaaatgag tgcattgggaa acattaaaaat gatcattata ggctaggcac agtggctcac1560
acctgtaatc cgagcacttt gggaagccga ggtaggagg taactgtagc ccaggagttc1620
5 aagactagac tgggcaacat agtgagaccc catctctact gctaccctcc 1670

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 46:

10

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 731 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

15

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

35

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:46:

40

ctcagagccgc tcgagccgaa ttcggctcga gctcagagccg attcggctcc cccaggcgag 60
ggcgccgcac ccacaccgcg ctgcgcagtt ttgttctgct ccagctgttc gaaggtgatc120
cagacgcaag atggctgtcc tctctaagga atatggtttt gtgcttctaa ctgggtgtgc180
cagctttata atgggtggcc acctagccat caatgtttcc aaggcccgca agaagtacaa240
45 agtggagtat cctatcatgt acagcacgga ccctgaaaat gggcacatct tcaactgcat300
tcagcgagcc caccagaaca cgttggaggt gtatcctccc ttcttatttt ttctagctgt360
tggaggtgtt taccaccgcg gtatagcttc tggcctgggc ttggcctgga ttgttggacg420
agttctttat gcttatggct attacacggg agaaccagc aagcgtagtc gaggagccct480
ggggtccatc gccctcctgg gcttggtggg cacaactgtg tgctctgctt tccagcatct540
50 tggttgggtt aaaagtggct tgggcagtgg acccaaatgc tgccattaaa gaattatagg600
ggtttaaaaa ctctcattca ttttaaatga cttaccttta tttccagtta catttttttt660
ctaaatataa taaaaactta cctggcatca gcctcatacc taaaaaaaaa aaaaaaaga720
gaaaactggg g 731

55

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 47:

60

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 881 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

65

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:47:

```

tttttttttt tttttttttt ttttttaagt tccttagaat attatttttc ctactgaaag 60
ttaccacatg cgtcgttggt tatacagtaa taggaacaag aaaaaagtca cctaagctca120
ccctcatcaa ttgtggaggt cctttatata ccatcttctc tccaaacaca tacgcagcag180
tggttacagct ctttttagaat ttgtctagta ggctttcttg cttttttaccg gaaagcccct240
cttatgatgt ttgttgccaa tgatagattg ttttcactgt gcaaaaatta tgggtagttt300
tgggtggtcct gatgcagttg taagcttggg gtatgaaggt ttgggccacg cctgggcgct360
tccggctgct cgggatgctg tttcctttcc gctcccaggg gcgttgggaa cggttgtagg420
acgtggctct ttattcgtga gttttccatt tacctccgct gaacctagag cttcagacgc480
cctatggcgt ccgcctcgac ccaaccggcg gccttgagcg ctgagcaagc aaaggtggtc540
ctcgcgaggg tgatccaggc gttctccgcc cgggagaatg cagtgcgcac ggacgaggct600
cgggataacg cctgcaacga catgggtgtc ctttaagttg ctcgcttggt caagtcctac660
gaagcccagg atcctgagat cgcagcctg tcaggcaagc tgaaggcgct gtttctgccg720
cccatgaccc tgccaccca tgggcctgct gctggtggca gcgtggccgc ctectgagag780
ttggccctcc cttgtgccac tgccagggga ggaaaggcct tgatgttcca gacaataata840
aatgcgcctg tgactttaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa a

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 48:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 997 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:48:

10

15

20

25

30

```

tttttttttt tttttttttt ttttttaagt tccttagaat attatttttc ctactgaaag 60
ttaccacatg cgtcgttggt tatacagtaa taggaacaag aaaaaagtca cctaagctca120
ccctcatcaa ttgtggaggt ccttttatatc ccatcttctc tccaaacaca tacgcagcag180
tgttacagct ctttttagaat ttgtctagta ggctttcttg ctttttaccg gaaagccct240
cttatgatgt ttgttgccaa tgatagattg ttttctactgt gcaaaaatta tgggtagttt300
tggtgggtctt gatgcagttg taagcttggg gtatgaagggt ttggggccacg cctgggcgct360
tccggctgcg ccggtatgctg tttcctttcc gctcccaggg gcgttgggaa cggttgtagg420
acgtggctct ttattcgtga gttttccatt tacctccgct gaacctagag cttcagacgc480
cctatggcgt ccgcctcgac ccaaccggcg gccttgagcg ctgagcaagc aaagggtggtc540
ctcgcggagg tgatccaggc gttctccgcc ccggagaaatg cagtgcgcat ggacgaggct600
cgggataacg cctgcaacga catgggtaag atgctgcaat tcgtgctgcc cgtggccacg660
cagatccagc agggaggttat caaagcctat ggcttcagct gcgacgggga aggtgtcctt720
aagtttgctc gcttggtcaa gtcctacgaa gcccaggatc ctgagatcgc cagcctgtca780
ggcaagctga aggcgctgtt tctgccgccc atgaccctgc caccocatgg gcctgctgct840
gggtggcacgt ggccgcctcc tgagagttgg ccctcccttg tgccactgcc aggggaggaa900
aggccttgat gttccagaca ataataaatg cgctgtgac ttaaaaaaaaa aaaaaaaaaa960
aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aagaaaaaaaa aaaaaaa

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 49:

35

40

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 2076 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

55

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

60

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:49:

```

gtggagtcgg gggacgctcc tctcgccag ggttcccgtc cctttccct gctgggtaaa 60
tcgcattctg tctctttaag gagtgtttgg ccgcgacgag ttggaaagcc cggatgcgtc 120
cttcgggttg ggggggtgtc tcagtgcagt cactgggggt ataaaagggc ctgggtggcg 180
ggcgccctgg cagagcgtcc tagcagtgtc actgcgtggg ttggtttgtg tagagaggcg 240
tgagcgagcc cgttgtccgg agtgcaacct ctgcctgttc tgtccctccc gggagcccc 300

```

```

gccgctgtcg ccgtcgagtc gccatggaag tgcagaaaga ggcacagcgc atcatgaccc 360
tgtcggtgtg gaagatgtat cactcccgca tgcagcgcgg tggcctgcgg ctgcaccgga 420
gtctgcagct gtcgctggtc atgcgacgc ccgggagctc tacctctcgg ccaaggtgga 480
ggccctcgag ccgaggtgtg cgttgccggc cgccctcccc tctgaccctc gcctgcaccc 540
gccccgagaa gccgagtcca cggccgagac agcgaccccc gacggtgagc acccgtttcc 600
ggagccaatg gacacgcagg aggcgcggac agccgaggag acctccgcct gctgtgcccc 660
gcgccccgcc aaagtgcagg gcaaacgacg cagcagcagc ctgagcgacg gcggggacgc 720
tggactggtc ccgagcaaga aagcccgtct ggaagaaaag gaagaagagg agggagcgtc 780
atccgaagtc gccgatcgcc tgcagccccc tccggcgcaa gggaggggcg ctttcccaac 840
ctggccccgc tctgcagag gcgcttctcc ggcctcctga actgcagccc cgcgccccct 900
ccgacggcgc cgcgcgcgtg cgaggcaaag ccgccttgcc gcccgcgga cagcatgtc 960
aacgtgtctg tgcggggcgt ggtggccttc tgaggacccc gagcgcgct gccggagccc1020
agagcgcgcg tcgaaccgtc ggcgcgaggg cgcgacctg aggcgaggcc accccctcc1080
atcctggggg aagcgccgc gaaaaccgtg gagagaagcc gccgcccggg ctgctgagag1140
gcccggagag ggactctgtc cccggggagc catcgccctc agtgtgcagg gacggcaccg1200
aggagtctga gccggggggc cgggcgcctt ccgcagagac ctgcgcccac aggtgctgtc1260
ttagtggact gggacgtgaa cctttcgctc tccttctgga ctgggagaag ggaggcttgg1320
gtgttgtgtt tttgtttttg tttgtgtgtt tgttttttaa gatctcctca gggtcggact1380
tcattttgta ctgtgggctg tgcgtggcct ttcaaggttt ttcaagagtt ggttttgcgt1440
ttccaacctc ggagaattcc aggcactccc cttccccctc cgctgacata cttgtataag1500
cggtcacgtg tgcgtcatgg ggcaggcgtg gggagcttcc tgcgccttg cgtgggtgtg1560
gggcctggga ggaggtcctg gggcgtgcac ccgccttggg cagtggggag gagagtggcc1620
tgagttactt caccocgcg tgcgtcgtgt taatgtccc cgtctctgca ccttcgggtg1680
ggagcgggga ctgatctact ttcacattct caagttttcc tcatctgcat tagaggtgcc1740
cagtaggttc ccaggttcca gcgtgcccc ccctcagaca cacggacaca atcagccgag1800
aagttccttg tctgaatcac gagaatgtgg aggggtgggg ggtgtcagtg gaaaggcata1860
aggctgagct gagaccagtt gctggtgaaa ctgggccaat ctggggaggg gaacatcctt1920
gccagggagt ttctgagggt ctgctttgtt tacctttcgt gcggtggatt ctttttaact1980
ccgtctacct ggcgttttgt tagaaatgtc agataggaaa ataaaaacca tttgagtaaa2040
aaaaaaaaa aagtaacatt gatgactcgc tcagtg

```

2076

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 50:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 548 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

.- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:50:

```

ttctagatcg cgagcggccg ctccgatcta gaacccggca agatggcaga agtagagcag 60
aagaagaagc ggaccttcgg caagttcacc taccgcgccg tggacctcga ccagctgctg120
gacatgtcct acgagcagct gatgcagctg tacagtgcgc gccagggcgg cggctgaacc180
5 ggggcctgcg gcggaagcag cactccctgc tgaagcgccg gcgcaaggcc aagaaggagg240
cgccgcccac ggagaagccg gaagtgggtg agacgcacct gcgggacatg atcctcctac300
ccgagatggg gggcagcatg gtggggcgtc acaacggcaa gaccttcaac caggtggaga360
tcaagcccgga gatgatcggc cactacctgg gcgagttctc catcacctac aagcccgtaa420
10 agcatggccg gcccgccatc gggggccacc actcctcccg cttcatccct ctcaagtaat480
ggctcagcta ataaaggcgc acatgactcc agaaaagaaa aagaaggggg ggccgcgcta540
aggatcga 548

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 51:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2427 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:51:

```

ctctgtggat aagtgggctt ggtctagggg ggaagtcacc aagaacgcac cggaggtcct 60
tgcccgccct ggaaaacgcc ctctgcggtg aaggagagac cacactgcca tgccctccctc 120
50 tgggccccga ggaacctctt gttgccgctg ggtcgccggc tgctggctgt cccctggag 180
cgagggggcg ccaacaagga ggagaccctt gcgactgaga gtcccgacac aggcctgtac 240
taccaccggt acctccagga ggtcatcgat gtactggaga cggatgggca tttccgagag 300
aagctgcagg ctgccaatgc ggaggacatc aagagcggga agctgagccg agagctggac 360
tttgtcagcc accacgtccg caccaagctg gatgagctca agcgacagga ggtgtcacgg 420
55 ctgcgggatg tgctcaaggc caagatggac gccgagcagg atcccaatgt acaggtggat 480
catctgaatc tcctgaaaca gtttgaacac ctggaccctc agaaccagca tacattcgag 540
gcccgcgacc tggagctgct gatccagacg gccaccgggg accttgccca gtacgacgca 600
gcccacatg aagagttcaa gcgtacgag atgcttaagg aacacgagag acggcggttat 660
60 ctggagtcac tgggagagga gcagagaaag gaggcggaga ggaagctgga agagcaacag 720
cgccggcacc gcgagcacc taaagtcaac gtgcctggca gccaaagcca gttgaaggag 780
gtgtgggagg agctggatgg actggacccc aacaggttta accccaagac cttcttcata 840
ctgcatgata tcaacagtga tgggtgctct gatgagcagg agctggaggc actcttcacc 900
aaggagctgg agaaagtgtg cgacccaaag aatgaggagg acgacatgcg ggagatggag 960
65 gaggagcgac tgcgcatgcg ggagcatgtg atgaagaatg tggacaccaa ccaggaccgc1020
ctcgtgaccc tggaggagtt cctcgcaccc actcagagga aggagtttgg ggacaccggg1080
-gagggctggg agacagtggg gatgcaccct gcctacaccg aggaagagct gaggcgcttt1140
gaagaggagc tggctgcccg ggaggcagag ctgaatgccca aggccagcg cctcagccag1200

```

```

gagacagagg ctctagggcg gtcccagggc cgcctggagg cccagaagag agagctgcag1260
caggctgtgc tgcacatgga gcagcggaag cagcagcagc agcagcagca aggccacaag1320
gccccggctg cccaccctga ggggcagctc aagttccacc cagacacaga cgatgtacct1380
gtcccagctc cagccggtga ccagaaggag gtggacactt cagaaaagaa acttctcgag1440
cggtctcctg aggttgaggt gcccagcat ctgtgatcct ccgggacccc agccctcagg1500
attcctgatg ctccaaggcg actgatgggc gctggatgaa gtggcacagt cagcttccct1560
gggggcccgt gtcattgttg gctcctgggg cgggggcacg gcctggcatt tcacgcattg1620
ctgccacccc agatccacct gtctccactt tcacagcctc caagtctgtg gctcttccct1680
tctgtectcc gaggggcttg ccttctctcg tgtccagtga ggtgctcagt gatcggctta1740
acttagagaa gcccgcccc tccctctctc cgtctgtccc aagagggtct gctctgagcc1800
tgcgttecta ggtggctcgg cctcagctgc ctgggttggt gccgccctag catcctgtat1860
gccacagct actggaatcc ccgctgctgc tccaggccaa gcttctgggt gattaatgag1920
ggcatggggt ggtccctcaa gaccttccc taccttttgt ggaaccagt atgcctcaa1980
gacagtgtcc cctccacagc tgggtgccag gggcaggga tccctcagt agccggtgaa2040
ccctgatacc aggagcctgg gcctccctga acccctggct tccagccatc tcacgccag2100
cctcctctg gacctcttg ccccagccc cttccccaca cagccccaga agggccccag2160
agctgacccc actccaggac ctaggcccag cccctcagcc tcactctggag cccctgaaga2220
ccagtccac ccacctttct ggctcatct gacactgtc cgcactctgc tgtgtgtcct2280
gttccatgtt ccggttccat ccaaatacac tttctggaac aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa2340
aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaacg ctattgccac gtcacctgcc ggagtcctca2400
tctttgaaga tggattcaag catcatt
2427

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 52:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1177 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:52:

```

aaaacttttt tttttttttt ttttacagaa ctccaggtct atttattagg aaggagatgt 60
cagtgccttta tcaaagatga aggggtcaca gagggacaat gggacaaagg ccctcagctg 120
ggacatttct tggccacaat gagaacagca gaaggcacga gtcccagctc ctgcagaggc 180
cgctccatgt cagcttctga gaaggcccggt ctggggaagc cactgagcaa ttgcacaggg 240
tcttgcccc cacctagttc ctccccacgg tggagctcca catagagcct cacagctgcc 300
agctgttccc gggcccggaa cgtctgggtc agtgaggctc catctggcag cctgacctgt 360
atgcgacact ggtcatactc ccgcttggtg ggaggctcct ggctgggaga agagggaaca 420
ggacctggct ctggtgccac tgggggtggc tgagagccca cactgccacc atacttcttg 480
gctctctctg ctttgtccct ctcgatcttt tctctaactc tttgtctggc tgctaactcc 540
tcggcccttt ccctccgctc ctccctcagca gcccggcga tctcatcttc ctgtagccgc 600

```



```

tgtcgtgctg ctgacaactc ttgcccttgt ctccctgcgt gccgttcccg ttccaatgcc 660
tcccgttcct ctctttcttc acgctcccg tgcctctggg ccaccagctc caacatcctc 720
ttagtttggt cctgtcttct ctcttcactc aaagcgggtt tgccctctcc gccagcagaa 780
5 ccagatcctt caaggcgcgc ttgctctgag gaagtgggct cccgtcccag gatatgtcca 840
aggggagctc ctaaaggctc gtccacatcg gggctgtctt cgtgctccat cagccagtcc 900
atcgagcctc cgatgccctg gttccctgtg agggccagag ccttctccgc gcgtccctcg 960
gggaagccca tctcgatgag actctcaaga gccgtcactc cgccatggcg ccgacaccgc 1020
10 ggcttccgcg gggacctggt gtgtgacgag aaggaggcg ggaagggtca gcgcgaggca 1080
acccgccctc gacaccgcgc gacgggcgct cgctctctca cccggctcta tagcagccgg 1140
gaacaccgac gagaagaaag ccgaggggaa gcggaag 1177

```

15 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 53:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 20 (A) LÄNGE: 1116 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear
- 25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA
- 30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- 35 (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:
- 40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:53:

```

aaagactgca aaactgcctg aaatgtgttt tggcatcagc tactgacacg taaggtttcc 60
caatcctcaa ctctgtcctg ccagctgatg aggggaagga aagggtattac ctaggggtat 120
50 gggcgaccaa tcttgagtc accaactgac cagcccatc ccagccttg tgccctacct 180
acccccaacc tcccagaggg agcagctatt taaggggagc aggagtgcag aacaaacaag 240
acggcctggg gatacaactc tggagtcttc tgagagagcc accaaggagg agcaggggag 300
cgacggccgg ggcagaagtt gagaccaccc agcagaggag ctaggccagt ccatctgcat 360
ttgtcaccba agaactctta ccatgaagac cctcctactg ttggcagtga tcatgatctt 420
55 tggcctactg caggcccatg ggaatttggt gaatttccac agaatgatca agttgacgac 480
aggaaaggaa gccgcactca gttatggctt ctacggctgc cactgtggcg tgggtggcag 540
aggatcccc aaggatgcaa cggatcgctg ctgtgtcact catgactgtt gctacaaacg 600
tctggagaaa cgtggatgtg gcaccaaatt tctgagctac aagtttagca actcggggag 660
60 cagaatcacc tgtgcaaaac aggaactcctg cagaagtcaa ctgtgtgagt gtgataaggc 720
tgctgccacc tgttttgcta gaaacaagac gacctacaat aaaaagtacc agtactattc 780
caataaacac tgcagaggga gcacccctcg ttgtgtgagc ccctcttccc tggaaacctt 840
ccacccagtg ctgaatttcc ctctctcata ccctccctcc ctaccctaac caagttcctt 900
ggccatgcag aaagcatccc tcacccatcc tagaggccag gcaggagccc ttctataccc 960
65 acccagaatg agacatccag cagatttcca gccttctact gctctcctcc acctcaactc 1020
cgtgtttaac caaagaagct gtactccggg ggtctctctc tgaataaagc aattagcaaa 1080
tcatgaaaaa gaagaaaaaa gagaaaaaag agtaaa 1116

```


2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 54:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2078 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:54:

```
tacaataaga caaatttcaa atcaagttgc tccactatac tgcataagca gtttagaatc 60
ttaagcagat gcaaaaagaa taaagcaa atggaggaaa aaaaggccga taaagtttct 120
ggctacaata caagagacat atcattacca tatgatctaa tgtgggtgtc agccggattg 180
tgttcattga gggaaacctt attttttaac tgtgctatgg agtagaagca ggagggtttc 240
aacctagtca cagagcagca cctacccccct cctcctttcc acacctgcaa actcctttac 300
ttgggctgaa tatttagtgt aattacatct cagctttgag ggctcctgtg gcaaatcccc 360
ggattaaaag gttccctggt tgtgaaaata catgagataa atcatgaagg ccaactatcat 420
cctccttctg cttgcacaag tttcctgggc tggaccgttt caacagagag gcttatttga 480
ctttatgcta gaagatgagg cttctgggat aggccagaa gttcctgatg accgcgactt 540
cgagccctcc ctaggcccag tgtgcccctt ccgctgtcaa tgccatcttc gagtggtcca 600
gtgttctgat ttgggtctgg acaaagtgcc aaaggatctt cccctgaca caactctgct 660
agacctgcaa aacaacaaa taaccgaaat caaagatgga gactttaaga acctgaagaa 720
ccttcacgca ttgattcttg tcaacaataa aattagcaaa gttagtcttg gagcatttac 780
acctttggtg aagttggaac gactttatct gtccaagaat cagctgaagg aattgccaga 840
aaaaatgccc aaaactcttc aggagctgcg tgcccatgag aatgagatca ccaaagtgcg 900
aaaagttact ttcaatggac tgaaccagat gattgtcata gaactgggca ccaatccgct 960
gaagagctca ggaattgaaa atggggcttt ccagggaatg aagaagctct cctacatccg 1020
cattgctgat accaatatca ccagcattcc tcaaggcttt cctccttccc ttacggaatt 1080
acatcttgat ggcaacaaaa tcagcagagt tgatgcagct agcctgaaag gactgaataa 1140
tttggttaag ttgggattga gtttcaacag catctctgct gttgacaatg gctctctggc 1200
caacacgcct catctgaggg agcttcactt ggacaacaac aagcttacca gactacctgg 1260
tggtgctggc gagcataagt acatccaggt tgtctacctt cataacaaca atatctctgt 1320
agttggatca agtgacttct gccacctgg acacaacacc aaaaaggctt cttattcggg 1380
tgtgagtctt ttcagcaacc cgttcagta ctgggagata cagccatcca ccttcagatg 1440
tgtctacgtg cgctctgcca ttcaactcgg aaactataag taattctcaa gaaagccctc 1500
atttttataa cctggcaaaa tcttggttaat gtcattgcta aaaaataaat aaaagctaga 1560
tactggaac ctaactgcaa tgtggatgtt ttaccacat gacttattat gcataaagcc 1620
aaatttcag ttttaagtaat tgcctacaat aaaaagaaat tttgcctgcc attttcagaa 1680
tcattcttgg aagctttctg ttgatgttaa ctgagctact agagatatte ttatttcact 1740
aatgtaaaaa tttggagtaa atatatatgt caatatttag taaagctttt cttttttaat 1800
```

ttccaggaaa aaataaaaag agtatgagtc ttctgtaatt cattgagcag ttagctcatt1860
 tgagataaag tcaaatgcca aacactagct ctgtattaat ccccatcatt actggtaaag1920
 cctcatttga atgtgtgaat tcaatacagg ctatgtaaaa tttttactaa tgtcattatt1980
 5 ttgaaaaaat aaatttataa atacattcaa aattacaaaa gaaaaaaaaa aaaagaaaaa2040
 agaaaagaag aaaaaagaaa gaaaagggaa aaagaggt 2078

10 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 55:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 15 (A) LÄNGE: 1556 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

- 25 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 30 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 35 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:55:

tgagccagga tgagccagga gaaggaattt cacaaggag aagctcggca acgtggagtc 60
 ggtttatgtc atcgaccctg aagatgtggc ccttctcttt aagtcogagg gccccaaccc 120
 agaacgattc ctcacccgc cctgggtcgc ctatcaccag tattaccaga gaccatagg 180
 45 agtcctgttg aagaagtcgg cagcctggaa gaaagaccgg gtggccctga accaggaggt 240
 gatggctcca gaggccacca agaacttttt gccctgttg gatgcagtgt ctggggactt 300
 cgtcagtgtc ctgcacaggc gcatcaagaa ggcgggctcc ggaaattact cgggggacat 360
 cagtgatgac ctgttccgct ttgoccttga gtccatcact aacgtcattt ttggggagcg 420
 ccaggggatg ctggaggaag tagtgaaccc cgaggcccag cgattcattg atgccatcta 480
 50 ccagatgttc cacaccagcg tcccatgtct caaccttccc ccagacctgt tccgtctgtt 540
 caggaccaag acctggaagg accatgtggc tgcattgggac gtgattttca gtaaagctga 600
 catatacacc cagaacttct actgggaatt gagacagaaa ggaagtgttc accacgatta 660
 ccgtggcacc ctctacagac tcctgggaga cagcaagatg tccttcgagg acatcaaggc 720
 caacgtcaca gagatgctgg caggaggggt ggacacgacg tccatgaccc tgcagtggca 780
 55 cttgtatgag atggcacgca acctgaaggt gcaggatatg ctgcgggcag aggtcttggc 840
 tgcgcggcac caggcccagg gagacatggc cacgatgcta cagctggctc cctcctcaa 900
 agccagcacc aaggagacac taagacttca ccccatctcc gtgaccctgc agagatatct 960
 tgtaaatgac ttggttcttc gagattacat gattcctgcc aagacactgg tgcaagtggc1020
 60 catctatgct ctgggcccag agcccacctt cttctctgac ccggaaaatt ttgacccaac1080
 ccgatggctg agcaaagaca agaacaatcac ctacttccgg aacttgggct ttggctgggg1140
 tgtgcggcag tgtctgggac ggcggatgcg tgagctagag atgaccatct tcctcatcaal200
 tatgtctggag aacttcagag ttgaaatcca acacctcagc gatgtgggca ccacattcaal260
 cctcattctg atgcctgaaa agcccatctc cttcaccttc tgcccttta accaggaagc1320
 65 aaccacagcag tgatcagaga ggatggcctg cagccacatg ggaggaaggc ccaggggtgg1380
 ggcccatggg gtctctgcat cttcagtcgt ctgtcccaag tcctgtctct ttctgcccag1440
 cctgtctcagc aggttgaatg ggttctcagt ggtcaccttc ctacagctcag ctggggccact1500
 cctcttcacc caccatgg agacaataaa cagctgaacc atgaaaaaaaa aaaaaa 1556

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 56:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1581 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

25

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:56:

```

cggggtccacc gttcagactt cagtactgag ggagagagaa gaggggagag aagagaggag 60
gaagaggatg acctgagtga gctgccaccg ctggaggaca tgggacaacc cccggcggag 120
gagggtgagc agcctggggc cctggcccga gaggctcctg ctgccatgga gcccgagccc 180
gccccagccc cggccccaga agagtggctg gacattcttg ggaacgggct gttgaggaag 240
aagacgctgg tcccaggggc gccagggtcg agcgcggcgg tcaaggggcca ggtgggtcacc 300
gtacatctgc agacgtcgct ggagaatggc acacgggtgc aggaggagcc ggagctggtg 360
ttcactctgg gtgactgtga cgtcatccag gccctggatc tcagtgtccc actcatggac 420
gtggggggaga cggccatggt cactgctgac tccaagtact gctacggccc ccaaggcagc 480
aggagcccat acatccccc gcacgcggcc ctgtgcctgg aggtgacct gaagacggct 540
gtggacgggc ctgacctgga gatgctcacg gggcaggagc gcgtggccct ggccaaccgg 600
aagcgggagt gcggcaacgc cactaccag cgggcggact tcgtcctggc cgccaactcc 660
tacgacctcg ccatcaaggc tatcacctcc agcgccaaag tggacatgac gttcgaggag 720
gaggcacagc tcctgcagtt gaaggtgaag tgtctgaaca acctggcggc ctgcgagctg 780
aagctcgacc actaccgcgc agcctgcgct cctgcagcct tgtgctggag caccagccag 840
acaacatcaa ggctctcttc cgcaagggca aggtgctggc ccagcagggg gagtacagtg 900
aggccatccc catcctgagg gcagccctga agctggaacc ttccaacaag acgatccacg 960
cagagctctc aaagctggtg aagaagcatg cggcgcaggg agcacggaga ccgccttgta1020
ccggaaaatg ctgggcaacc ccagccggct gcctgctaag tgccctggca aggggtgcctg1080
gtccatccca tggaagtggc tggttggggc gactgctgtt gccttggggg gtgtggcact1140
ctctgtggtc atcgctgcca ggaactgacc acctaggtgg ctgcgacccc ctctgcacac1200
catggacctt gcctgcgct ccccaactcc ccagggctcc ctgtccactg ccctccctgg1260
tctggccccc tcctccgggt taggggagca aggattgggg gtcgtgcagc ccagccagca1320
ggaggggactg agggccctcta ggaggaaagc ccagaggagg gggggccctca ttccctcaga1380
cccagtttct cccaccctc cttaccccgc tgggctaggt ctccgccagg gctggcctca1440
gtttctctc aacaggcctg ggggcagccc ttccctgcc tagtccccgc ctgagtgccal500
gccccccacc ccgcctgccg cccctgtcc aggttcctc cccgccacag tgaaataaag1560
catcccaccc tgcaaaaaaa a

```

35

40

45

50

55

60

65

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 57:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1145 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:57:

```

35 cttggccatg aaatgtgtgg gagtggcttt tccctaactt gactcttctt tcagtgggag 60
   agaactattg agaggaacaa agagcttata aatacattag gacctggaat tcagtgtgctg 120
   agccaggacg gtgacagcgt ttaacaaagc ttagagaaac ctccaggaga ctgctatcat 180
   ggcagagaag cccaagctcc actacttcaa tgcacggggc agaatggagt ccacccggtg 240
   gctcctggct gcagctggag tagagtttga agagaaattt ataaaatctg cagaagattt 300
40 ggacaagtta agaaatgatg gatatttgat gttccagcaa gtgccaatgg ttgagattga 360
   tgggatgaag ctggtgcaga ccagagccat tctcaactac attgccagca aatacaacct 420
   ctatgggaaa gacataaagg agagagccct gattgatatg tatatagaag gtatagcaga 480
   tttgggtgaa atgatcctcc ttctgcccgt atgtccacct gaggaaaaag atgccaagct 540
   tgccttgatc aaagagaaaa taaaaaatcg ctacttccct gcctttgaaa aagtctttaa 600
45 gagccatgga caagactacc ttgttggcaa caagctgagc cgggctgaca ttcactctggt 660
   ggaacttctc tactacgtcg aggagcttga ctccagtctt atctccagct tccctctgct 720
   gaaggccctg aaaaccagaa tcagcaacct gccacagtg aagaagtttc tacagcctgg 780
   cagcccaagg aagcctccca tggatgagaa atcttttagaa gaagcaagga agattttcag 840
50 gttttaataa cgcagtcatg gaggccaaga acttgcaata ccaatgttct aaagttttgc 900
   aacaataaag tactttacct aagtgttgat tgtgcctggt gtgaagctaa tgaactcttt 960
   caaattatat gctaattaaa taatacaact cctattcgct gacttagtta aaattgattt 1020
   gttttcatta ggatctgatg tgaattcaga tttccaatct tctcctagcc aaccattttc 1080
   ctggaattaa aaattcagta aaaaaggaaa atataaaaaa aaaaaaagga ggaaaaggag 1140
55 gggggg                                     1145
  
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 58:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1121 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:58:

```

actacgtcac cgcacctac agcctgggca gcgcgctcgc ccagcaccag ccgcagcctc 60
tacgcctcgt ccccgggcgg cgtgtatgcc acgcgctcct ctgcgctgcg cctgcggacg 120
acgtgcccgg ggtgcggctc ctgcaggact cgttggaact ctgcctggcc gacgccatca 180
acacggagtt caagaacacc cgcaccaacg agaagggtga gctgcaggag ctgaatgacc 240
gcttcgcca ctacatcgac aagggtgcgt tcctggagca gcagaataag atcctgctgg 300
ccgagctcga gcagctcaag ggccaaggca agtcgcgcct gggggacctc tacgaggagg 360
agatgcggga gctgcgccgg caggtggacc agctaaccac cgacaaagcc cgcgtcgagg 420
tggaagcgca caacctggcc gaggacatca tgcgcctccg ggagaaattg caggaggaga 480
tgcttcagag agaggaagcc gaaaacaccc tgcaatcttt cagacaggat gttgacaatg 540
cgtctctggc acgtcttgac cttgaacgca aagtgaatc tttgcaagaa gagattgcct 600
ttttgaagaa actccacgaa gaggaaatcc aggagctgca ggctcagatt caggaacagc 660
atgtccaaat cgatgtggat gtttccaagc ctgacctcac ggctgccctg cgtgacgtac 720
gtcagcaata tgaaagtgtg gctgccaaga acctgcagga ggcagaagaa tggtagaaat 780
ccaagtttgc tgacctctct gaggtgcca accggaacaa tgacgccctg cgccaggcaa 840
agcaggagtc cactgagtac cggagacagg tgagtcctc cactgtgaa gtggatgccc 900
ttaaaggaac caatgagtc ctggaacgcc agatgcgtga aatggaagag aactttgccg 960
ttgaagctgc taactaccaa gacactattg gccccctgca ggatgagatt cagaatatga 1020
aggaggaaat ggctcgtcac ttcgtgaata ccaagacctg cccaatgttt agatgggctt 1080
gacattgaga ttgccactac aggaactgct tgaaacgagg a 1121

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 59:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 620 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

-(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:59:

```

15  gcgctcgactt tttttttttt tttttttttg atgctcaaac acagctttta ttttacttca 60
    aagttttacct cagatcagcc tgggaagggt aggggaatga agcagatgct gttaaagggt120
    catgggagag aaaaggatc tgtgggaaga gaataatctc ttttgacttc gtgtgctgcc180
    tcacggacac actggagcag ggattgggccc cccaaggcct caggtagccc cgtgcctgtg240
    gctttgctgg gtgcagccta cgtggctgct cgaatgggtt gcaggctggt gcctaaagct300
20  ttcccaaggg ggcgctgcat gctgccactg actccacagt tctgggggtcc tgggtggtggt360
    caggctcctgc tccagcgtc ccacaaggca ctctctcctg tggcctggat ccactagaca420
    ctagacattt ccctggtggg ggccctctgt ggcagctgca cctcacattt ccacttagca480
    tcactctagt ggaggctctc tgtgggctgg gcatgctagc tcagttctct tttcctcctc540
25  ttataaagcc accagtccca ttccctgtgca taaccatta atoccattaa ccccatgcaa600
    tgcaaggcca cagccttcac                                     620

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 60:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1585 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:60:

```

65  ggagctgcgc acgtccact cggccggcag cggaccgcag ccaccagccg cccgcgccct 60
    ccagccccgt ccgggagtc ccggcccgt gcggtgccgt tgctgaaaag ccaggagtca 120
    aaatgactga gcgctttgac tgccaccatt gcaacgaatc tctctttggc aagaagtaca 180
    tcctgcggga ggagagcccc tactgcgtgg tgtgctttga gaccctgttc gccaacacct 240
    gcgaggagtg tgggaagccc atcggtgtg actgcaagga cttgtcttac aaggaccggc 300

```

```

actggcatga agcctgtttc cactgctcgc agtgcagaaa ctactggtg gacaagccct 360
ttgctgccaa ggaggaccag ctgctctgta cagactgeta ttccaacgag tactcatcca 420
agtgccagga atgcaagaag accatcatgc caggtagccg caagatggag tacaagggca 480
gcagctggca tgagacctgc ttcattctgcc accgctgccg gcagccaatt ggaaccaaga 540
gtttcatccc caaagacaat cagaatttct gtgtgccctg ctatgagaaa caacatgcc 600
tgcagtgcgt tcagtgcata aagcccatca ccacgggagg ggtcacttac cgggagcagc 660
cctggcacia ggagtgcctt gtgtgcaccg cctgcaggaa gcagctgtct gggcagcgt 720
tcacagctcg cgatgacttt gctactgccc tgaaactgct ctgtgacttg tatgccaaga 780
agtgtgctgg gtgcaccaac cccatcagcg gacttggtgg cacaaaatac atctcctttg 840
aggaacggca gtggcataac gactgcttta actgtaagaa gtgtccctc tcactgggtg 900
ggcgtggctt cctcacagag agggacgaca tctgtgccc cgactgtggg aaagacatct 960
gaattcaaca cagagaagtt gctgcttggt atctcacaca cagattttta tgttttcttt 1020
ctcaccaggg caatcttgcc ttctggtttc ttccagccac attgagactt tcttctagtgl 1080
cttttcagtg atactcacgt ttgcttaaac ccttttagtgc ttgtgatag ttcagtccca 1140
gggaaagaga aaactcggcc taggcccctag gtgggaagat gggttgaaat ttttgtaatc 1200
gagtaaggca caccctaatg taaaaatcct tttgaatgat gcctttataa atctttctct 1260
cactgtctat ttaagtgcac ttaacatag tcacgaactt gaaagttttc taaactcaat 1320
aaggtaatga ccagttgtta tttacagctc tgtaacctcc cgttgctgca agtctaaacc 1380
aagattatgt gacttgcaat aaagtattc agaacagaaa attttgccag gcacagagt 1440
tgaaatcatg attacaggtc gaggcactga gtctaagtaa cactttattg catgggtccc 1500
tggtcactgt atgaagtgc gttccaatgt tccaatggcc tggggcattg ccaactggaa 1560
cagcatcaca ccctttaaag gaggc

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 61:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 947 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:61:

```

ggagacgagg ccaggtctcc agctggggtg gacgtgccc cagctgccg aaggcaagac 60
gccaggtccg gtggacgtga caagcaggac atgacatggt ccggtgtgac ggcgaggaca 120
gaggaggcgc gtccggcctt cctgaacacc ttaggtggt ggggctgcg caagaagcgg 180
gtctgtttct ttacttcctc cacggagtc gcacactatg gctgccctct gggctcccag 240
aaccacaaac atgaaagaaa tggtgctacc cagctcaagc ctgggccttt gaatccggac 300
acaaaaccct ctagcttgga aatgaatatg ctgcacttta caaccactgc actacctgac 360

```

tcaggaatcg gctctggaag gtgaagctag aggaaccaga cctcatcagc ccaacatcaa420
 agacaccatc ggaacagcag cgcccgagc acccaccocg caccggcgac tccatcttca480
 tggccacccc ctgcgggcga cggttgacca ccagccacca catcatccca gagctgagct540
 5 cctccagcgg gatgacgccc tccccaccac ctccctcttc ttctttttca tcttctgtc600
 tctttgtttc tgagctttcc tgtctttcct tttttctgag agattcaaag cctccacgac660
 tctgtttccc ccgtcccttc tgaatttaat ttgactaag tcatttgcac tggttggagt720
 tgtggagacg gccttgagtc tcagtacgag tgtgcgtgag tgtgagccac cttggcaagt780
 gcctgtgcag ggcccgccg ccctccatct ggggcccggg tgactggggc gccggcttgt840
 10 gttgcccag ggcttcaccc tggcccttcg gcctagtctt gggaaggttc cggaccgaac900
 attcaaggga ggcaagcctt tcaaggcatt tccattaagg ggcccca 947

15 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 62:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 20 (A) LÄNGE: 2559 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:62:

ctggaagcct ggaatccctt cctggacccc ttttgaagcc ccagggtccg gcttgtggac 60
 acagggacaa gtcccttct tcagcatgtg ccccccctcat ctcagatcga ggtotcatcc 120
 50 cacaaccaag ccaggagaa gccaagggat gtatcatctg ttgaactctt aatgaataat 180
 catcaaggca tcaaagctga aattgatgca cgtaatgaca gtttcacaac ctgcattgaa 240
 cttgggaaat ccctgttggc gagaaaacac tatgcatctg aggagatcaa ggaaaaatta 300
 ctgcagttga cggaaaagag gaaagaaatg atcgacaagt gggaagaccg atgggaatgg 360
 ttaagactga ttctggaggt ccatcagttc tcaagagacg ccagtgtggc cgaggcctgg 420
 55 ctgcttggac aggagccgta cctatccagc cgagagatag gccagagcgt ggacgaggtg 480
 gagaagctca tcaagcgcca cgaggcattt gaaaagtctg cagcaacctg ggatgagagg 540
 ttctctgccc tggaaaggct gactacattg gagttactgg aagtgcgcag acagcaagag 600
 gaagaggaga ggaagaggcg gccgccttct cccgagccga gcacgaaggt ttcagaggaa 660
 60 gccaggtccc agcagcagtg ggatacttca aaaggagaac aagtttccca aaacggtttg 720
 ccagctgaac aggatctcc acggatggca gaaacggttg acacaagcga aatggtcaac 780
 ggcgctacag aacaaaggac gagctctaaa gagtccagcc ccattcccct cccgacctct 840
 gatcgtaaa gccaagactgc cctcccagcc cagagtgcgc ccaccttacc agccagaacc 900
 caggagacac cttcggccca gatggaaggc ttctcaatc ggaaacacga gtgggaggcc 960
 65 cacaataaga aagcctcaag caggtcctgg cacaatgtt attgtgtcat aaataaccaa1020
 gaaatgggtt tctacaaaga tgcaaagact gctgcttctg gaattcccta ccacagcgag1080
 -gtccctgtga gtttgaaaga agctgtctgc gaagtggccc ttgattacaa aaagaagaaa1140
 cacgtattca agctaagact aaatgatggc aatgagtacc tcttccaagc caaagacgat1200


```

gaggaaatga acacatggat ccaggctatc ttttccgcca tctcctctga taaacacgag1260
gtgtctgcca gcacccagag cacgccagca tccagccgag cgcagaccct ccccaccagc1320
gtcgtcacca tcaccagcga gtccagtcgc ggcaagcggg aaaaggacaa agagaaagac1380
aaagagaagc gggttcagcct ttttggaaca aagaaatgaa ctcccttccct tcacctcctg1440
cccttctctt accttttctag tgaaattcca gcatgcaagc tcagaaccaa cacattactc1500
tctgtgccta atgttcctca atgtggttga tttttttttt tttttaattt atagagcatt1560
tcgggggggg tgggggaaac acacctaaac actttatctc caagttacaa aagtttgagg1620
tgcagaggga aggccagatt ttttttttaa tgaaattata tagattagat ctgagtattt1680
aaactgttcc tcaattttgt gaggtgtgtg tggaaataac ccgcctctag tgctgttgg1740
atgcaaggca gcggtgctta atcaatatct cctgtgctca ccagaggcaa aatgtacca1800
tatcctgaca ccattctctc tccatttact tctggtggtt accctgactc ttgactctta1860
gaagtgcctg agatggggct aacctttatt aaacagatcg catattatga tcttgctgca1920
gccacagtgc agctccacat taactctaca gaccaaacca tttgtatctg gcatcactta1980
ctaacacacg acatgcggct tttctgcacg aactgctatg acggttaaga atgtcagtat2040
acaagaagga atagaaaact gatactgttt taaataatct gtaatttcaa tttttttttt2100
ttggctggct gaaatacatt atattgtacg tttgagataa ttctagtaca aagtataata2160
aaactagatg tataataaac cttttaaatc attggttaagt gtacaagtgg tggaaactgaa2220
gcatttactg gacaaagtaa tgttactcta atggttactt gctcgtgcgt tgccacactg2280
tggtataatt tgcttcattt ccttgctatt tgatacatag tgtgcatttc tctgtcactg2340
taactattgt aatgacaaat tttcatctta ctgcacaatc aaaatgacat tgataggaat2400
gaactccaga ggctgggcct gaacaggag gtggtcgctc aggcctgggtg ctgagtcgta2460
cgacctgtac ctctcaactt ttgccctatc tggttaatat atgctatgtc attaaatgct2520
tttaaatcta aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 63:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1493 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:63:

```

aaccctcaa gcacacccgg tgaacctgtg accaaggcgt gttcaactac accctccctc 60
tgtccccagg cccagacttc ttccaaggac aacagcaagc cagaagtgcc agtcagaggt 120
acagcagcct ttaccatca tctcccagct gccagtgggt gcaagcagac ctctactaaa 180
cgcaaatgag aggaaatgga agtggatgac ttctatgatg gaatcaaacg gctctataat 240
gaagataatg tctcagaaaa tgtgggttct gtgtgtggca ctgatttatc aagacaagag 300

```

```

ggacatgctt ccccttgctc acctttgcag cctgtttctg tcatgtagtt tcaacaagt 360
ctacctttga gtgtaaacta aggtagacta ctttggaat gagaacatgc aaaatcagga 420
aaggetgtag aaggaaatat accttaacag gctgatttgg agtgagccag aaaaaaaaaa 480
5 taaaactctc attatttgtg tggctaatta taattcagcg ttatttaagc acataaagac 540
ccccaaaaaa aaaaaaaaga aatccaaaag atccaaactt tttttaaact taaaaaatct 600
ctttgtagta tgtcagttgc actttttttc tgccataatg taacgtagct tgccccgtca 660
aaaattcaat taaaattcat ggccagcaat cctgttcccc ctacgcatcc tgatttaatt 720
10 ttctgtttgc ttttgcttgc ttctccattt aatagttact gaactttatg catgttgatc 780
tatattgatt ttactgcag ttgaatgaac aaattatttc agtgtgacag ccagactca 840
agtccaatt agtctgaaa ggggtactttg gaattgtccc atattaatca gagatggcaa 900
aagaaaaagt tctcatatta ccaggttgat tttgtgtctc atttcaaatt ttaattttaa 960
attatggttt tcatttttgt ttaccttaaa gtgatgctta aaagtggcat gtaattagga 1020
15 cacttaggtt tgttgaaagc attttcgaca ttgtataaa agaatttgtg ataaatatat 1080
ccagggtgtc accaaagaaa catgtattaa caacttaaat tagatttttc taactgatag 1140
ttttcactca ttataatca gtaggagaga ctgtctagat gttggggcag ctctatgatt 1200
taagtctgta acatgttata actgaattta gtaccctagt tttgttaagc tattaggatt 1260
ttctaataga acttactccc cctgcctccc cagccttatg tttcttttaa tgacttctgg 1320
20 atcctgagct ccttttgagc tctgaaaaag gtattgcagt cagaactgtg tactgatgat 1380
aaaagcctct ggtagcaata aaaagttgtc ctttaaaaaa aaaaaaaaag gggaaaagag 1440
gaagggaggg aatgaagtcg ggaggggagg aatgaaaaag ggggggcgcc ccc 1493

```

25

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 64:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 30 (A) LÄNGE: 1135 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:64:

```

cacaggtcca cagagtcctt ggttcactgt gactcctgca tgccagccca catgaatcgg 60
60 gctaagggtc ctgggggtgc agatgggtact gctgaggtcc cgggcttagt gtgagcatct 120
tgccagcctc aggcttgagg gagggctggg ctgaaagac cactggcaga aacaggaggc 180
tccggcccca caggtttccc caaggcctct caccocactt cccatctcca ggaagcgtc 240
gccccagtgg cactgaagtg gccctccctc agcggagggg tttgggagtc aggcctgggc 300
aggaccctgc tgactcgtgg cgcgggagct gggagccagg ctctccgggc ctttctctgg 360
65 cttccttggc ttgcctgggt ggggaagggg aggaggggaa gaaggaaagg gaagagtctt 420
ccaaggccag aaggaggggg acaaccccc aagaccatcc ctgaagacga gcacccccct 480
cctctccctg ttagaaatgt tagtgcccg cactgtgccc caagttctag gcccccaga 540
aagctgtcag agccggccgc cttctccctt ctcccaggga tgctctttgt aaatatcgga 600

```

```
tgggtgtggg agtgaggggt tacctccctc gcccgaaggt tccagaggcc ctaggcgggg 660
tgggctcgct gaacctcgag gaactccagg acgaggagga catgggactt gcgtggacag 720
tcagggttca cttgggtctc ctctagctcc ccaattctgc ctgcctcctc cctcccagct 780
gcactttaac cctagaaggt ggggacctgg ggggagggac agggcaggcg ggcccatgaa 840
gaaagccctt cggtgcccag cactgtctgc gtctgtctct ctgtgcccag ggtggctgcc 900
agccactgc ctctgcctg ggggtggcctg gcccctctgg ctggtgcgac gcgggcttct 960
ggagcttgct accattggac agtctccctg atggaccctc agtcttctca tgaataaatt1020
ccttcaacgc caaaaaaaaa aaaaaaacag cccgggggga cccactagtt ctagagcggc1080
cgccaccgcg gtggagctcc agcttttggt cccttttagt aggggtaatt tcgag . 1135
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 65:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1271 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:65:

```
acgttggaag agtttactgc accaattact tatctcattc tgettacact acctcatccg 60
cttcttcacc ttcttcatca taatcatcat catcatcttc aatagcttct ccagtaaaat 120
ataacactga tcttgggatt atacgtctac gtaaaaagtg accaatttcg aagtctgcag 180
caaggatagc ttcagcatca tcatccagat ctccactctc aggaacttca ggaggggcaa 240
aaaagttaaa gaaagagtca ttggaaactg ttttagtcac agtacgaact gtcccacgtc 300
ccttggtgtt ctgcttcttc ttaatagttt tcaaagtgc attctttcct tttttccaat 360
ctatctggca ccctgtacaa cccataattt ctggtccatc aaaagaaaag ggatcagaat 420
catctggttc tgacctcctc ctgtatgtct ttgtcagcac ttcatttgta aaatattcat 480
tgggttcaaa gtgaaattct aagacaaaac tcataggctg gccagcatct gagaacttca 540
ctttaatatc tttcaagtgc ttcagaatag gttcatcggt ttcttgaaac atatcactga 600
gcaagtcaac attcttaaaa acagttaacc aaaattcagg aattcctttg gggctcttct 660
tttcttcacc ctttttctca tcttcaatct tggccttttc tttcaattcc tccgaaatct 720
catcttcttc atctggtttc cattcacatt cttcttccgt aggttcataa attgcattaa 780
taatttcaaa tcgcttatca aatagaggct gatagagaac agcatacttc ctttcaagat 840
catgaacttc ctcatagaat ttggcttcta tctgtgcaca ttttaacttg aggtttttga 900
gagcattcac tcgtctttta actaccctag gcaggctttc aatgtatcct gttggtgttt 960
ctaccagacc atcaagtctt tcttgaaggg ctgcaagaat ctgaggattt tgcattcatct1020
gaacagttag ctgacgtgct ttgagttttg tttcttcacc agtttctctc tcttctactt1080
cttcaacatc atccaaatct tgatcaagtt cagactgttc tttgtgtca atgtctgccall140
t-gttgtgaag actccaaata tcggcgacta gtatggggag ccaggcggcc ggactgcgcal200
ggcagtgact caggcgggca gcggcgagcag cagcggggag agcaggaggc ggcgcgcgcal260
gcagatggcg c
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 66:

- 5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 887 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STrang: einzel
 10 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA
- 15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- 20 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:
- 25 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:66:

35 cgccccggcg caagcgccaa gagcggtgc gtctatggc atgacgtctg acagagcgtc 60
 caccgctctt cgacaggact ctatggttct tacgcgcgca gacagaccgc ctatataagc120
 cctgcgagg cggaggagcg cctctttccc ttcggtgtgc cactgaagat cctggtgtcg180
 ccctgggccc ccgccccgcc cgttggtacc ggtattgtaa gaacaagccg taccctaaagt240
 ctgcgttctg ccgaggtgtc cctgatgcca agattcgcat ttttgacctg gggcggaaaa300
 40 aggcataagt ggatgagttt ccgctttgtg gccacatggt gtcagatgaa tatgagcagc360
 tgtcctctga agccctggag gctgcccga tttgtgcca taagtacatg gtaaaaagtt420
 gtggcaaaaga tggcttccat atccgggtgc ggctccaccc cttccacgtc atccgcatca480
 acaagatgtt gtctgtgtct ggggctgaca ggctccaaac aggcattgca ggtgcctttg540
 45 gaaagcccca gggcactgtg gccagggttc acattggcca agttatcatg tccatccgca600
 ccaagtgcga gaacaaggag catgtgattg aggcctgcg cagggccaaag ttcaagtttc660
 ctggccgcca gaagatccac atctcaaaga agtggggctt caccaagttc aatgctgatg720
 aatttgaaga catggtggct gaaaagcggc tcatcccaga tggctgtggg gttcaagtac780
 atccccagtc gtggccctct ggacaagtgg cgggccctgc actcatgagg gcgttcaagg840
 50 tgctgcccc ctgcttaaag ctgagccgat agattgactt gctgtgc 887

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 67:

- 55 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1487 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 60 (C) STrang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
- 65

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:67:

20

```

tttttttttt tttttttttt tttttttttt tatcaacatt tatatgcttt attgaaagtt 60
gacaagtgca acagttaaatt acagtgacac cttacaattg tgtagagaac atgcacagaa 120
acatatgcat ataactacta tacaggtagt atgcagaaac ccctactggg aaatccattt 180
cattagtttag aactgagcat ttttcaaagt attcaaccag ctcaattgaa agacttcagt 240
gaacaaggat ttacttcagc gtattcagca gctagatttc agattacaca aagtgagtaa 300
ctgtgccaaa ttcttaaaat ttctttaggt gtgggtttttg tcatgtagca gtttttatgt 360
agatctatat ataaaagtcc acacctcttc agacagcaa tgaaacaact aaatttcaat 420
ctgtacaacc taaatagtag ttacagtcct ctattgtaca aaatagttac actacataca 480
caaataataca ataagcaaaa caaccttcat ggtaagatag cctaggtccc agctacctgt 540
caccattttg tcactctcat agttttgtgt catccattgt ttgagaagaa agaggcacag 600
tactattgtt ttttatgaat tttggtgaca gttgtcaaat ttgtacagtg aactctgttc 660
cccctcattt tagtcttttt accctccttt caagttcctc ctgggggggag gagaggagag 720
aggcgagtcc agtgaggagc tccatcgctt cacaacccca tgtaggacac taagcgcaag 780
caggagagag aacccttgga agtgaggggt agggagccgg aagggatgga aaggcacaca 840
gctcctgagc atgaattaaa ccatttctca gatattctgcc aagctgcatg aggtcccggg 900
atatccatgc taattctcgg attaaccttt aattcaccca actaagaaat ttctccaagc 960
cataagcata tgagtgttta atactggaaa agagataatg gcatatgtca gtctcacgtc 1020
tctttcgcag cgagcaatga aatgggtgac tgtggaggca gattctccct agcacatctt 1080
ctcgcgtctgt tcagttcaca cgcagcagcc agttctgcgg gggcatagga agctatgcgg 1140
ttggtcctga gccctgcgat gctggctggg cggggggctg tgtggtgccc tgtggctggg 1200
tggtggcagg gggggagcca gtctgcagct gggcctgaaa ctgggcaagc tgctcaggac 1260
tggccagtgt cttcagcaga ttgttctcct gctccagctg ggaatttttc tctattagtt 1320
ctttgatttg ctctttgagg acctccactt cttctctgac cgcatacacc aaatggcttt 1380
tcactagatc catagcttgc tcgattttgt tgtcaatagc taccacactt gcaccagagg 1440
agggttaagg gagtgcagacc ccggtccccg gagctgtgtc ccgcggc 1487

```

50

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 68:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

55

(A) LÄNGE: 869 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

65

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

10 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:68:

```

20 gggctcaggt gcgggacctg gaggagaaac tagagaccct gagactgaaa cgggcagaag 60
   acaaagcaaa gctaaaagag ctggagaaac acaaaatcca gctggagcag gtgcaggaat 120
   ggaagagcaa aatgcaggag cagcaggccg acctgcagcg gcgcctcaag gaggcgagaa 180
   aggaagccaa ggaggcgctg gaggcaaagg aacgctatat ggaggagatg gctgatactg 240
   ctgatgccat tgagatggcc actttggaca aggagatggc tgaagagcgg gctgagtccc 300
   tgcagcagga ggtggaggca ctgaaggagc ggggtggacga gctcactact gacttagaga 360
25 ttctcaaggc tgagattgaa gagaagggct cagatggcgc tgcattccagt tatcagctca 420
   agcagcttga ggagcagaat gcccgcctga aggatgccct ggtgaggatg cgggatcttt 480
   ctccctcaga gaagcaggag catgtgaagc tccagaagct catggaaaag aagaaccaag 540
   agctggaagt tgtgaggcaa cagcgggagc gtctgcagga ggagctaagc caggcagaga 600
30 gcaccattga tgagctcaag gagcagggtg atgctgctct ggggtgctgag gagatgggtg 660
   agatgctgac agatcggaac ctgaatctgg aagagaaagt gcgcgagttg agggagactg 720
   tgggagactt ggaagcgatg aatgagatga acgatgagct gcaggagaat gcacgtgaga 780
   cagaactgga gctgcgggag cactgggaca tggcaggcgc gcgggttcgt gaggccaga 840
   agcgtgtgga ggcagcccag gagacggttg cagactacca gcagaccatc aagaagtacc 900
35 gccagctgac cgcccatcta caggatgtga atcggaact gacaaaccag caggaagcat 960
   ctgtggagag gcaacagcag ccacctccag agacctttga cttcaaaatc aagtttgctg1020
   agactaaggc ccatgccaag gcaattgaga tgggaattgag gcagatggag gtggcccagg1080
   ccaatcgaca catgtccctg ctgacagcct tcatgcctga cagcttcctt cggccagg1140
   gggaccatga ctgcgttctg gtgctgttgc tcatgcctcg tctcatttgc aaggcagagc1200
40 tgatccggaa gcaggcccag gagaagtttg aactaagtga gaactgttca gagcgccctg1260
   ggctgcgagg agctgctggg gagcaactca gctttgctgc tggactggtg tactcgctga1320
   gcctgctgca ggccacgcta caccgctatg agcatgccct ctctcagtgc agtgtggatg1380
   tgtataagaa agtgggcagc ctgtaccctg agatgagtgcc catgagcgc tccttgatt1440
45 tcctcattga actgctgcac aaggatcagc tggatgagac tgtcaatgtg gagcctctca1500
   ccaaggccat caagtactat cagcatctgt acagcatcca ccttgccgaa cagcctgagg1560
   actgtactat gcagctggct gaccacatta agttcacgca gactgctctg gactgcatga1620
   gtgtggagggt aggacggctg cgtgccttct tgcagggttg gcaggaggct acagatattg1680
   ccctcctgct ccgggatctg gaaacttcat gcagtgcacat ccgccagttc tgcaagaaga1740
50 tccgaaggcg aatgccaggg acagatgctc ctgggatccc agctgcactg gcctttggac1800
   cacaggatgc tgacacgctc ctgactgca ggaacaactt gacgtgggtc gtggctgtgc1860
   tgcaggaggt ggcagctgct gctgcccagc tcattgcccc actggcagag aatgaggggc1920
   tacttgtggc tgctctggag gaactggctt tcaaagcaag cgagcagatc tatgggaccc1980
55 cctccagcag cccctatgag tgtctgcgcc agtcatgcaa catcctcatc agtaccatga2040
   acaagctggc cacagccatg caggaggggg agtatgatgc agagcgcccc cccagcaagc2100
   ctccaccggt tgaactgcgg gctgctgccc ttctgtcaga gatcacagat gctgaaggcc2160
   tgggtttgaa gctcgaagat cgagagacag ttattaagga gttgaagaag tcaactaaga2220
   ttaagggaga ggagctaagt gaggccaatg tgcggctgag cctcctggag aagaagttgg2280
60 acagtgtctc caaggatgca gatgagcgca tcgagaaagt ccagactcgg ctggaggaga2340
   cccaggcact gctgcgaaag aaggagaaag agtttgagga gacaatggat gcaactcagg2400
   ctgacatcga ccagctggag gcagagaagg cagaactaaa gcagcgtctg aacagccagt2460
   ccaaacgcac gattgaggga ctccggggcc ctctccttc aggcattgct actctggtct2520
   ctggcattgc tgggtgaagaa cagcagcgag gagccatccc tgggcaggct ccagggtctg2580
65 tgccaggccc agggctggtg aaggactcac cactgctgct tcagcagatc tctgccatga2640
   ggctgcacat ctcccagctc cagcatgaga acagcatcct caagggagcc cagatgaagg2700
   catccttggc atccctgccc cctctgcatg ttgcaaagct atcccatgag ggccctggca2760

```

```

gtgagttacc agctggagcg ctgtatcgta agaccagcca gctgctggag acattgaatc2820
aattgagcac acacacgcac gtagtagaca tcaactcgac cagccctgct gccaaagagcc2880
cgtcggccca acttatggag caagtggctc agcttaagtc cctgagtgac accgtcgaga2940
agctcaagga tgaggtcctc aaggagacag tatctcagcg ccctggagcc acagtacca3000
ctgactttgc caccttcctt tcatcagcct tcctcagggc caaggaggag cagcaggatg3060
acacagtcta catgggcaaa gtgaccttct catgtgcggc tggttttgga cagcgacacc3120
ggctggtgct gaccagggag cagctgcacc agcttcacag tgcctcctc tcttaagcac3180
tcctttcccc tgctgtcccc ttgcacctc agccctctgg tgcgctctg cccgatgcac3240
agccacctca gccagcccc aggtagaaac gtgggttaag ctcttcctgc cccgttcagc3300
ttcactccca ccctttcagc gtctgcccc ttcaccttga cccgggttcc cccactccca3360
ttccctggcc tctgccataa ttgtttgttc aactgctccc tccttcctga ggggcctcag3420
ggcttgtggg gggtaggctg agacccacc accaaagggt aagtgaggtc cccttgattg3480
aggacttcac cccttgatta aagcaacttc tgcttcagtg aaaaaaaaaa aaaa 3534

```

5

10

15

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 69:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

20

(A) LÄNGE: 369 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

40

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:69:

```

atcttggttc cgcgttcctt gcacaaaatg cccggcaggt tacaggagtt actagagtca 60
ctatccggaa atctaagaat atcctctttg tcatcacaaa accagatgtc tacaagagcc120
ctgcttcaga tacttacaga gggtttgggg aagccaagat cgaagattta tcccagcaag180
cacaactagc agctgctgag aaattcaaag ttcaagggtga agctgtctca aacaatcaag240
aggacacaca gactccaacg gtacaagagg ggagtggggg ggaagaggtc gatgaaacag300
gtgtaggggt tagggccatt gaattggtca tgtcacaaag ccatgtgtcg agagcggagg360
cgggccgac
369

```

50

55

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 70:

60

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 915 Basenpaare

65

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

15

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

20

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:70:

25

ctcgagccgc cagagccgct cggctgtttt cctgcccagg agccgcaggg ccgtaggagg 60
ccatggcgcc cagccggaat ggcatggtct tgaagcccca cttccacaag gactggcagc120
ggcgcggtggc cagctgggttc aaccagccgg cccgtaagat ccgcagacgt aaggcccggc180
30 aagccaaggc gcgcgcgcatc gccccgcgcc ccgctgcggg tcccatccgg cccatcgtgc240
gctgccccac gggtcgggtac cacacgaagg tgcgcgcggg ccgcggcttc agcctggagg300
agctcagggt ggccggcatt cacaagaagg tggcccggac catcggcatt tctgtggatc360
cgaggaggcg gaacaagtcc acggagtccc tgcaggccaa cgtgcagcgg ctgaaggagt420
accgctccaa actcatcctc ttccccagga agccctcggc cccaagaag ggagacagtt480
35 ctgctgaaga actgaaactg gccaccagc tgaccggacc ggtcatgcc gtccggaacg540
tctataagaa ggagaaagct cgagtcattc ctgaggaaga gaagaatttc aaagccttcg600
ctagtctccg tatggcccggt gccaacggcc ggctcttcgg catacgggca aaaagagcca660
aggaagccgc agaacaggat gttgaaaaga aaaaataaag ccctcctggg gacttggaat720
40 cagtcggcag tcatgctggg tctccacgtg gtgtgtttcg tgggaacaac tgggcctggg780
atgggggttc actgctgtga cttcctcctc ccaggggatt tggggcttac ttgaaagaca840
gtccaagccc tgggataata ctttactttc tgtgttgaaa cactgtgagt atggtggcat900
agggactgat gtaga 915

45

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 71:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

50

(A) LÄNGE: 2150 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

55

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

60

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

65

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:71:

10

```

cggcggcctt ggcgtgctgg cggcgggagt ggacgcggat gtctctctgg aggcctgctg 60
tgccgacgga caccggatgg ccactcatca gaaggactgc tcgctgccat atgctacgga 120
atccaaagaa tgcaggatgg tgcaggagca gtgctgccac agccagctgg aggagctgca 180
ctgtgccacg ggcattcagcc tggccaacga gcaggaccgc tgtgccacgc cccacgggtga 240
caacgccagc ctggaggcca catttgtgaa gagggtgctgc cattgctgtc tgctggggag 300
ggcggcccag gccaggggcc agagctgcga gtacagcctc atggttggct accagtgtgg 360
acaggtcttc cgggcatgct gtgtcaagag ccaggagacc ggagatttgg atgtcggggg 420
cctccaagaa acggataaga tcattgaggt tgaggaggaa caagaggacc catatctgaa 480
tgaccgctgc cgaggaggcg ggccctgcaa gcagcagtg cagacacgg gtgacgaggt 540
ggtctgctcc tgcttcgtgg gctaccagct gctgtctgat ggtgtctcct gtgaagatgt 600
caatgaatgc atcacgggca gccacagctg ccggttggga gaatcctgca tcaacacagt 660
gggctcttcc cgctgccagc gggacagcag ctgcgggact ggctatgagc tcacagga 720
caatagctgc aaagatattg acgagtgtga gagtgttatt cataactgcc tccccgattt 780
tatctgtcag aatactctgg gatccttccg ctgccgaccc aagctacagt gcaagagtgg 840
ctttatataa gatgctctag gcaactgtat tgatatcaat gagtgtttga gtatcagtgc 900
cccgtgccct attgggcata catgcatcaa cacagagggc tcctacacgt gccagaagaa 960
cgtgcccac tgtggccgtg gctaccatct caacgaggag ggaacgcgct gtgttgatgt 1020
ggacgagtgc gcgccacctg ctgagccctg tgggaaggga catcgctgcg tgaactctcc 1080
cggcagtttc cgctgcgaat gcaagacggg ttactatattt gacggcatca gcaggatgtg 1140
tgtcgtgtgc aacgagtgcc agcgtacctc cgggcgcctg tgtggccaca agtgcgagaa 1200
cacgctgggc tcctacctct gcagctgttc cgtgggcttc cggctctctg tggatggcag 1260
gtcatgtgaa gacatcaatg agtgacgag cagccctgtt agccaggagt gtgccaacgt 1320
ctacggctcc taccagtgtt actgccggcg aggtaccag ctacgcgatg tggatggagt 1380
cacctgtgaa gacatcgacg agtgcgccct gcccaccggg ggccacatct gtcctaccg 1440
ctgcatcaac atccctggaa gcttccagtg cagctgcccc tcgtctggct acaggctggc 1500
ccccaatggc cgcaactgcc aagacattga tgagtgtgtg actggcatcc acaactgctc 1560
catcaacgag acctgcttca acatccaggg cggttccgc tgcttgccct tcgagtgcct 1620
tgagaactac cgccgctccg cagccaccgg ctgtgagcgc ttgccttgcc atgagaatcg 1680
ggagtgtccc aagctgcctc tgagaataac ctactaccac ctctctttcc ccaccaacat 1740
ccaagcgcgc gcggtggttt tccgcatggg cccctccagt gctgtccccg gggacagcat 1800
gcagctggcc atcaccggcg gcaatgagga gggctttttc accaccggga aggtgagccc 1860
ccacagtggg gtggtggccc tcaccaagcc tgtccccgag cccagggaact tgctcctgac 1920
cgtaagatg gatctctctc gccacggcac cgtcagctcc tttgtggcca agcttttcat 1980
ctttgtgtct gcagagctct gagcaactcg ttcgcgtcgc ggggtctccc tcctgttgct 2040
ttcctaaccg tgccctccgg ggcgttaata aagtcttagc aagcgtccca cacagtgaag 2100
aaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 2150

```

50

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 72:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

55

(A) LÄNGE: 1705 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

65

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

10 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:72:

```

cagcagcgag cccgtgtgcg gcaggacgcc aacacctacg ccaacctgtg ccagctgcgc 60
gccgccagcc gccgctccga gaggtgcac cgcccgccgg tcatcgctct gcagcgcgga 120
gctgcgggcc aaggcagga agatcccaac agtttgcgcc ataaatataa ctttatcgcg 180
gacgtggtgg agaagatcgc ccctgccgtg gttcatatcg aattgtttcg caagcttccg 240
ttttctaaac gagaggtgcc ggtggctagt gggctctggg ttattgtgtc ggaagatgga 300
ctgatcgatga caaatgccc cgtggtgacc aacaagcacc gggtaaagt tgagctgaag 360
aacggtgcca cttacgaagc caaaatcaag gatgtggatg agaaagcaga catcgactc 420
atcaaaattg accaccagg caagctgcct gtcctgctgc ttggccgctc ctcagagctg 480
cgcccgggag agttcgtggt cgccatcgga agcccgtttt cccttcaaaa cacagtcacc 540
accgggatcg tgagcaccac ccagcgaggc ggcaaagagc tggggctccg caactcagac 600
atggactaca tccagaccga cgccatcatc aactatggaa actcgggagg cccgttagta 660
aacctggacg gtgaagtgat tggaaattaac actttgaaag tgacagctgg aatctccttt 720
gcaatcccat ctgataagat taaaaagttc ctcacggagt cccatgaccg acaggccaaa 780
ggaaaagcca tcaccaagaa gaagtatat ggatccgaa tgatgtcact cagctccagc 840
aaagccaaag agctgaagga ccggcaccgg gacttcccag acgtgatctc aggagcgtat 900
ataattgaag taattcctga taccacagca gaagctggtg gtctcaagga aaacgacgtc 960
ataatcagca tcaatggaca gtccgtggtc tccgccaatg atgtcagcga cgtcattaaa1020
agggaaagca ccctgaacat ggtggtccgc aggtaatga agatatcatg atcacagtga1080
ttccgaaga aattgacca taggcagagg catgagctgg acttcatgtt tccctcaaag1140
actctcccg ggatgacgga tgaggactct gggctgctgg aataggacac tcaagacttt1200
tgactgccat tttgtttgtt cagtggagac tccctggcca acagaatcct tcttgatagt1260
40 ttgcaggcaa acaaatgta atgttcgaga tccgcaggca gaagctctgc ccttctgtat1320
cctatgtatg cagtgtgctt tttcttgcca gcttgggcca ttcttgctta gacagtcagc1380
atthgtctcc tcttttaact gactcatcat cttagtccaa ctaatgcagt cgatacaatg1440
cgtagataga agaagcccca cgggagccag gatgggactg gtcgtgtttg tgcttttctc1500
caagtcagca cccaaaggtc aatgcacaga gaccccggtt gggtagcgc tggtttctca1560
45 aacggccgaa gttgcctctt ttaggaatct ctttggaatt gggagcacga tgactctgag1620
tttgagctat taaagtactt cttacacatt gaaaaaaaa aaaaaaaaa aaaaaaaaaa1680
aaaaaagccg aaaaggagg gaaag 1705

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 73:

55 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 2236 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRang: einzel
60 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

65 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:73:

```

ggaaggcgcc tccgcagtc gctcggaact gccgaccga gtgcttccc cagagggctg 60
gtggtgggag cggagtgggt cgggcggggc cgagccgggc cgtgggccc gtgggggccc 120
ggcggcgccg gggccggcgg acggcgggat gggctgcacc gtgagcgccg aggacaaggc 180
ggcggccgag cgctctaaga tgatcgacaa gaacctgcgg gaggacggag agaaggcggc 240
gcgggaggtg aagttgctgc tgttgggtgc tggggagtca gggaagagca ccatacgtaa 300
gcagatgaag atcatccacg aggatggcta ctccgaggag gaatgccgc agtaccgggc 360
ggttgtctac agcaacacca tccagtccat catggccatt gtcaaagcca tgggcaacct 420
gcagatcgac tttgccgacc cctccagagc ggacgacgcc aggcagctat ttgactgtc 480
ctgcaccgcc gaggagcaag gcgtgctccc tgatgacctg tccggcgctc tccggaggct 540
ctgggctgac catggtgtgc aggcctgctt tggccgctca agggaatacc agtcaacga 600
ctcagctgcc tactacctga acgacctgga gcgtattgca cagagtgcac acatccccac 660
acagcaagat gtgctacgga cccgcgtaaa gaccacgggg atcgtggaga cacacttcac 720
cttcaaggac ctacacttca agatgtttga tgtgggtggt cagcggctctg agcggaaaga 780
gtggatccac tgctttgagg gcgtcacagc catcatcttc tgcgtagctt gagcgctat 840
gacttggtgc tagctgagga cgaggagatg aaccgcatgc atgagagcat gaagctattc 900
gatagcatct gcaacaacaa gtggttcaca gacacgtcca tcatcctctt cctcaacaag 960
aaggacctgt ttgaggagaa gatcacacac agtcccctga ccatctgctt cctgagtac1020
acaggggcca acaaatatga tgaggcagcc agctacatcc agagtaagtt tgaggacctg1080
aataagcgca aagacaccaa ggagatctac acgcacttca cgtgcgccac cgacaccaag1140
aacgtgcagt tegtgtttga cgcgtcacc gatgtcatca tcaagaacaa cctgaaggac1200
tgccgctctt tctgaggggc agcggggcct ggcgggatgg gccaccgccg accttgtacc1260
ccccaccctc tgaggaagat gggggcaaga agatcacgct ccccgctgt tccccgcg1320
cttttctcct ctttctctc tttgttctca gctccccctg tccccctcagc tccagacgta1380
ggggaggggt tgccacaggc ctccctgttt gaagcctgcc cttgtctgag atgctggtaa1440
tgcccatggt accccttctt ggcatctgt tctgtttttt aaccattgtc ttgttctgtg1500
atgaggggag gggggcacat gctgagtctc ccaaggctgc gtctggaggg gccctgctt1560
ctccagcctg gaccccccagc tttgcccac accagccctt gccccagccc aagtccaaat1620
gtttacaggg agcctcctgc ccagtcccc aacccagcc gctcggaggc cccaaaggaa1680
aaagcacaag aagcgtgaga cgccaccatt cctggaacc acagtcacc tgctcattct1740
cgtagctttt taataaaatg aaagttaaagg aaaaaaaaa aactgcaaat ctagaaaact1800
tttttagaaa aaactattta aaactgtcag atcctgacca gcaaggcccc ccccgggccc1860
ccttccaagt gactccgtgc cttgagtgtg tctgcgtgtt tacaccgctc cctctgctgg1920
ccgcccccggt gcgagcgga cccctgccct gccctccaca gaattgggtt ccaagggctg1980
ttccagacaa ctgccaacgt cactgagggc cctgccccag cgccctggc cccaggctct2040
attaacctaa aatgtagctc cctagcgcta acctaggaac cgccgctgcc tgctgggggg2100
ccacgcccct catgcccttg tcccaggccc ggggccttca gcgttgaaca cttccttgct2160
tttttcacat gttttatgga attgttcacc tggtttgaaa taataaaatg tagaaagaaa2220
aaaaaaaaa aaaaaa
2236

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 74:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1565 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

10 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:74:

gggggagcggc ggagggggctg agggggcggag aggcctggcg gggctctgccc agcgtccccc 60
gccacgtctg tgctctgtcc ttgtgtaata gaatgcaaaa aagccaagcc ctccgcctag 120
aggtcccccac acgtgaccag ccccggtgtag ccccgggctg acccagtgtg tgctcagcag 180
30 ccccacccca cctgccccct tgcctctca gagcctcagc ttctggggga gacatgctct 240
ccccacaggg gggaggcact aagtcattgt cctggctgga aggtactgaa ggcttctgca 300
gctttggctg cacgtcacc tctgagcct cacttttctt gccgtccctc ctgttgtgaa 360
atcaccacat tctgtctctg cttggcttcc cctccaccct aaagtctcag gtgacggact 420
cagactcctg gcttcatgtg gcattctctc tgcctcagtga tctcacttaa atctatatac 480
35 aaagccttgg tcccgtagaa acactcgtgt gccaccagc gcccttgaag aggcaggctc 540
ggggccagatg ctgggcagga aacccagcgc gcagatgggc ctgtgtgcac ccaacgtgat 600
gctatgcattg tctgaccgac gatccctcga ccagaatcag attcaggagc tcagtttctt 660
tttcaacttg gtctctggat tctgtcata gggaaggat atcaggaggg gaagaggcct 720
40 ttctagaatt ttctttgagc aggtttacaa tttagcttac atttttcgac tgtgaacgtg 780
aataggctgc tttttgcttt cttctttcca gacccacag tagagcactt ttcacttatt 840
tgggggaggc ttccaggagc tgttctcacc ttaactcagc cagaaagatg ccctagtgtg 900
gatcaaaagg aactcgaggg ggagggtagc cctggggccc ctcgacatca ccgtcattga 960
tggagcctga accgtgtgct cctcggcaga tgcctgtgtt gttacttccc tccaagaggc 1020
45 tggaaaaggg ctccagagctg ctgagcagga accggagggt gacccatttc aggagggtgcc 1080
ggtaccagcc tgactaggtg caggcaagct tgtgtggggc caacaggccc ttggtagagc 1140
tggtgccaga tgtgggctca gatcctgggc atgatggggc gagccacctc ggatccactt 1200
gattggccag ccgagcgaga accaggtgct tgcattggac tgaccgccgc ttccagcttc 1260
ctctgagccg cagggcctgc tacgggggca agcgtgctgc ctctcttctg tgcgtttttg 1320
50 ttgccaaagg agaataaaaa gtcccttaacc gtggactctt cctttatccc ctcccttacc 1380
ccacatatgc aatgactttt aatttttact tttgtagttt aatcctttgt attacaacat 1440
gaaatatagt tgcatatatg gacaccgact tgggaggaca ggtcctgaat gtcccttctc 1500
cagtgttaaca tgttttactc acaataaaaa ttctttcagc aagttccttg tctttctctc 1560
55 tggga 1565

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 75:

60 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1240 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
65 (C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:75:

```

caagtgtctgg gctgtgtgta catcttccct ctgcctctcc ccacaagcct ccaccgctat 60
gtctggctgg tttacgagca ggacaggccg ctaaagtgtg acgagcccat cctcagcaac 120
cgatctggag accaccgtgg caaattcaag gtggcgctct tccgtaaaaa gtatgagctc 180
agggccccgg tggctggcac gtgttaccag gccgagtggg atgactatgt gcccaaactg 240
tacgagcagc tgtctgggaa gtaggggggt agcttgggga cctgaactgt cctggaggcc 300
ccaagccatg ttccccagtt cagtgttgca tgtataatag atttctctct ttctgcccc 360
ccttggcatg ggtgagacct gaccagtcag atggtagttg agggtgactt ttctgctgc 420
ctggccttta taattttact cactcactct gatattatgt ttgatcaaat ttgaacttca 480
ttttgggggg tattttggtg ctgtgatggg gtcatacaat tattaatctg aaaatagcaa 540
cccagaatgt aaaaaagaaa aaactggggg gaaaaagacc aggtctacag tgatagagca 600
aagcatcaaa gaatctttaa ggaaggttta aaaaaaaaaa aaaatagaac ttcattttgg 660
ggggtatttt ggtactgtga tggggtcatc aaattattaa tctgaaaata gcaaccaga 720
atgtaaaaaa gaaaaaactg gggggaaaaa gaccaggtct acagtgatag agcaaagcat 780
caaagaatct ttaaggaagg tttaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaagattgg ttgcctctgc 840
ctttgtgatc ctgagtccag aatggtacac aatgtgattt tatggtgatg tcaactcacct 900
agacaaccag aggttgccat tgaggctaac ctccaacaca gtgcatctca gatgcctcag 960
taggcatcag tatgtcactc tggctccctt aaagagcaat cctggaagaa gcaggaggga 1020
gggtggcttt gctgttggtg ggacatggca atctagaccg gcagcagcgc tcgctgacag 1080
cttgggagga aacctgagat ctgtgttttt taaattgatc gttcttcatg ggggtaagaa 1140
aagctggtct ggagttgctg aatgttgcat taattgtgct gtttgcttgc agttgaataa 1200
aaatagaaac ctgaatgaaa aaaaaaaaaa aaaaattttt 1240

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 76:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 4750 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:76:

```

15  gcgttcgagt gatgccttgc accccaacct ggcccccgcc gccgcccacg cccagccccg 60
    actccagcca gcgcctccct ccaccccagg acgccactca ttcatctca ttaaggga 120
    aaatatatat ctatctatct gaggaacctg aggacctcgg aatctctagc aagggtcaa 180
    cttcgaaaat ggcaacaaca gagatgcaaa aagctaaaaa gacaccccc ccttttaaat 240
    ggttttcttt ttgaggcaag ttggatgaac agagaaggga agagaggaag aacgagagga 300
20  agagaaggga aggaagtgtt tgtgtagaag agagagaaag acgaatagag ttaggaaaag 360
    gaagacaagc aggtgggcag gaaggacatg caccgagacc aggcaggggc ccaactttca 420
    cgtccagccc tggcctgggg tcgggagagg tgggcgctag aagatgcagc ccaggatgtg 480
    gcaatcaatg acactattgg ggtttcccg gatggattgg tcagggggag aaaggaaaag 540
25  gcaaaacact ccaggacctc tcccgatct gtctcctcct ctagccagca gtatggacag 600
    gtggaccctc gaacttcctc tctcttacc tgggcagagt gttgtctctc ccaaatttta 660
    taaaaactaa aatgcattcc attcctctga aagcaaaaca aattcataat tgagtatat 720
    taaatagaga ggttttcgga agcagatctg tgaatatgaa atacatgtgc atatttcatt 780
    ccccgagcag acatttttta gaaatcaata catgcccaca tattggaag acttgttctt 840
30  ccacggtgac tacagtacat gctgaagcgt gccgtttcag cctcatttta attcaatttg 900
    taagttagcg agagcctctg tgggggagga taggctgaaa aaaaaaagtg ggctcgtatt 960
    tatctacagg actccatata gtcatatata ggcatataaa tctattcttt ttctttgttt 1020
    ttttctttct tcttttcttt caaaggtttg cattaacttt tcaaagtagt tcctataggg 1080
    gcattgagga gcttctctcat tctgggaaaa ctgagaaaac ccatattctc ctaatacaac 1140
35  ccgtaatagc atttttgctt gcctcgaggc agagtttccc gtgagcaata aactcagctt 1200
    ttttgtgggg cacagtactg gatttgacag tgattcccca cgtgtgttca tctgcacca 1260
    ccgagccagg cagagggcag cctcctcgtg tgacacacag acgcgcctca gtccatccca 1320
    ttttagtctt taaacctca ggaagtcaca gtctccggac accacaccac atgagccca 1380
    caggctccag atggatccac cagtcccacc ccagcctttt cctttcatct gaacagaatg 1440
40  tgcatttttg gaagcctccc tcaactctca tgctggcaga gcaggaggga gactgaagta 1500
    agagatggca gagggagatg gtggcaaaaa ggttttagatg caggagaaca gtaagatgga 1560
    tggttccggc cagagtcgat gtggggagga acagaggggt gaaggagag ggggctgact 1620
    gttccattct agctttggca caaagcagca gaaaggggga aaagccaata gaaatttcct 1680
45  tagcttcccc accatatgta ttttctagga tttagagga aagagaggga aatgggggaa 1740
    tgggttgcaa aatagaaatg agcttaatcc aggcgcgaga gccagggaag gtgagtaact 1800
    ttaggagggt gctagacttt agaagccaga taggaagaat cagtctaacc tggccatgct 1860
    ttggaaggga caagactatg tgctccgctg cccaccttca gcctgcaatg agggactgag 1920
50  gcccacgagt ctttccagct cttcctccat tctggccagt ccttgcatcc tccctggggt 1980
    ggagatgga aggaagctg ggacaagcag ggaacgcagt attcagggat gctgtcactc 2040
    ggcagccaga ttccgaaact cccattctcc aatgacttcc tcaaccaatg ggtggccttg 2100
    tgaactgttct ttaaggctga agatatccag gaaagggggc ttggacactg gccaaaggag 2160
    ccccttcgtg ctgtggacac agctctcttc actctttgct catggcatga cacagcgag 2220
55  accgcctcca acaacgaatt tggggctacg aagaggaata gcgaaaaagc aaatctgttt 2280
    caactgatgg gaacctata gctatagaac ttgggggcta tctcctatgc ccctggacag 2340
    gacagttggc tggggacagg agaagtgtct aatcttcatg agacaaaggg gcccgatagg 2400
    ccagcagcca caaggccttg acctgccgag tcagcatgcc ccattctctc gcacagctgt 2460
    cccctaaacc caactcacgt ttctgtatgt cttaggccag tatcccaaac ctcttcacg 2520
60  tcaagtgtct ttccaacct tctccttttg catcttgagc agttatccaa ctaggatctg 2580
    ccaagtggat actgggggtg cactcccctg agaaaagact gagccaggaa ctacaagctc 2640
    cccccacatt cctcccagcc tggacctaat tcttgagagg ggctctctct tcacggactg 2700
    tgtctggact ttgagcaggc ttctgccctt tgcgttgggt ctttgctgcc agccatcagg 2760
    tgggggatta gagcctgggt taagtgcgcc agactcttcc ggtttccaaa gttcgtgcct 2820
65  gcgaacccaa acctgtgagt ctcttctgca tgcaggagtt tctcctgggc agctggtcac 2880
    tccccagaga agctgggcct tcattggcac atggaactaa gcctcccaaa tgggagttct 2940
    ggctgagccc aggttgggga gatcctggga agggaggcac tggaggaaga cggcacctct 3000

```

```

tcccccatgg caggggtgtga gggaggcagg tttggaatgg tgcgagtatg gcaatctaag3060
caggggtctg gtctctttga ctccaggctg gcctttggcc gactgtctgc tcaccagag3120
accttggact ccgactatc catggtccg aatctaagt ctgcccactc ccatgctcac3180
acccacagaa ggtcttccca tccccttag attcgtgcct cactccacca gtgaggaaga3240
tgcctctgtc tttccacga ctgccaggag atagggaagc ccagccagga ctgacctcc3300
ttcctccagc ctgcctgac ccacctggca aagcagggca catggggagg aagagactgg3360
aacctttctt tgacagccag gcctagacag acaggcctgg ggacactggc cccatgagg3420
gaggaaggca ggcgcacgag gtccaggag gcccttttct gatcatgcc cttctctccc3480
acccatctc .cccaccacca cctctgtggc ctccatggta cccccacagg gctggcctcc3540
cctagagggt gggcctcaac cacctgctcc cgccacgcac cggttagtga gacagggctg3600
ccacggcaac cgccaagccc ccctcaagg gggacagtac cccggacca tccactact3660
cctgagagggt ctccggccca gaatgggaac ctgagagaag agctctaagg agaagaaacc3720
ccatagcgtc agagaggata tgtctggctt ccaagagaaa ggaggctccg ttttgcaaag3780
tggaggaggg acgagggaca ggggtttcac cagccagcaa cctgggcctt gtactgtctg3840
tgtttttaa accactaaag tgcaagaatt acattgcact gtttctccac tttttatttt3900
ctcttaggct tttgtttcta tttcaaacat actttcttgg ttttctaagt gagtatatag3960
tttagtcatt tcacagactc tggcctcctc tcctgaaatc cttttggatg gggaaaggga4020
aggtggggag ggtccgaggg gaaggggacc ccagcttccc tgtgcccgt caccctactc4080
caccagtccc cggtcgccag ccggagtctc ctctctaccg ccactgtcac accgtagccc4140
acatggatag cacagtgtgc agacaagatt ccttcagatt ccgagttgcc taccggttgt4200
tttcgttgtt gttgttgtt tttttctttt tctttttttt tttgaagaca gcaataacca4260
cagtacatat tactgtagt ctctatagtt ttacatacat tcataccata actctgttct4320
ctcctctttt ttgttttcaa ctttaaaaac aaaaataaac gatgataatc tttactgggt4380
aaaaggatgg aaaaataaat caacaaatgc aaccagtttg tgagaaaaaa aaaaaaaaag4440
ccgaaaaaaa aaaaaaaaac acctgaatgc ggaagagctc ggctcccgtt tagcattttg4500
tacttaagga aataaaaaac caacaaagga tctcacattt tcttaaaaag tgaagattgc4560
tgtatactat ttattcaact tataatttat gttactcctt gatctttgtc ttttgcatg4620
acaaagcatt tatttaataa agttatgcat tcagttaaaa aaaaaaaaag ggcggcgaaa4680
ggtgtcagag acagggggga tgggggatga ggatgagggg ggagggacgg taggtgtggg4740
ggggggcccc 4750

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 77:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1505 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

.- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:77:

```

accacgtgg cggctccagc gtgcacccctt ctttgtgctc gggttaggag gagctaggct 60
gccatcgggc cgggtgcagat acgggggttgc tcttttgctc ataagagggg cttecgctggc 120
5 agtctgaacg gcaagcttga gtcaggaccc ttaattaaga tcctcaattg gctggagggc 180
agatctcgcg agtagggcaa cgcggtaaaa atattgcttc ggtgggtgac gcggtacagc 240
tgcccaaggg cgttcgtaac gggaatgccg aagcgtggga aaaagggagc ggtggcgga 300
gacggggatg agctcaggac agagccagag gccagaaga gtaagacggc cgcaaagaaa 360
aatgacaaag aggcagcagg agagggccca gccctgtatg aggaccccc agatcagaaa 420
10 acctcaccga gtggcaaac tgccacactc aagatctgct cttggaatgt ggatgggctt 480
cgagcctgga ttaagaagaa aggattagat tgggtaaagg aagaagcccc agatatactg 540
tgccctcaag agaccaaag ttcagagaac aaactaccag ctgaacttca ggagctgcct 600
ggactctctc atcaatactg gtcagctcct tcggacaagg aagggtacag tggcgtgggc 660
ctgctttccc gccagtggcc actcaaagtt tcttacggca taggcgagga ggagcatgat 720
15 caggaaggcc ggggtgattgt ggctgaattt gactcgtttg tgctggtaac agcatatgta 780
cctaattgcag gccgaggtct ggtacgactg gactaccggc agcgtctgga tgaagccttt 840
cgcaagtctc tgaagggcct ggcttccga aagccccctg tgctgtgtgg agacctcaat 900
gtggcacatg aagaaattga cttcgcaac cccaagggga acaaaaagaa tgctggcttc 960
20 acgccacaag agcgccaagg cttcggggaa ttactgcagg ctgtgccact ggctgacagc 1020
tttaggcacc tctaccccaa cacaccctat gcctacacct tttggactta tatgatgaat 1080
gctcgatcca agaattgttg ttggcgctt gattactttt tggtgtccca ctctctgtta 1140
cctgcattgt gtgacagcaa gatccgttcc aaggccctcg gcagtgatca ctgtcctatc 1200
acctataacc tagcactgtg acaccacccc taaatcactt tgagcctggg aaataagccc 1260
25 cctcaactac cattccttct ttaaacactc ttcagagaaa tctgcattct atttctcatg 1320
tataaaacta ggaatcctcc aaccaggctc ctgtgataga gttcttttaa gccaagatt 1380
ttttatttga gggttttttg ttttttaaaa aaaaattgaa caaagactac taatgacttt 1440
gtttgaatta tccacatgaa aataaagagc catagtttca aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1500
aaaaa
30

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 78:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2008 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:78:

```

65 gcgtccccc cctgcgccc gcgccccgc cccgcgccc gtcctcgggc ggtcatgctg 60
ccctctgcc tctggtggc cctgctgctg gccgcccggc cggggccgag cctggggcgc 120
gaagccatcc actgcccgc ctgctccgag gagaagctgg cgcgctgccc ccccccgctg 180
ggctgcgagg agctggtgcg agagccgggc tcgggtgtt gcgccacttg cgccctgggc 240

```



```

ttgggggatgc cctgcggggt gtacaccccc cgttgcggtc cgggcctgcg ctgctacccg 300
ccccgagggg tggagaagcc cctgcacaca ctgatgcacg ggcaaggcgt gtgcatggag 360
ctggcggaga tcgaggccat ccaggaaagc ctgcagccct ctgacaagga cgaggggtgac 420
caccccaaca acagcttcag cccctgtagc gcccattgac gcagtgcctg cagaagcact 480
tcgccaaaat tcgagaccgg agcaccagtg ggggcaagat gaaggtcaat ggggcgcccc 540
gggaggatgc ccggcctgtg ccccagggtc cctgccagag cgagctgcac cgggcgctgg 600
agcggctggc cgcttcacag agccgcaccc acgaggacct ctacatcatc cccatcccca 660
actgcgaccg caacggcaac ttccacccca agcagtgtca cccagctctg gatgggcagc 720
gtggcaagtg ctggtgtgtg gaccggaaga cgggggtgaa gcttccgggg ggcctggagc 780
caaaggggga gctggactgc caccagctgg ctgacagctt tcgagagtga ggcctgccag 840
caggccaggg actcagcgtc ccctgtctact cctgtgtctc ggaggctgca gagctgaccc 900
agagtggagt ctgagtctga gtcctgtctc tgctgcggc ccagaagttt cctcaaagt 960
cgcggtgtga cgtgtgcgtg tgcgtgcgtg tgtgtgtgtt tgagcatggg tgtgcccttg 1020
gggtaagcca gagcctgggg tgttctcttt ggtgttacac agccaagag gactgagact 1080
ggcacttagc ccaagaggtc tgagccctgg tgtgtttcca gatcgatcct ggattcactc 1140
actcactcat tccttcactc atccagccac ctaaaaacat ttactgacca tgtactacgt 1200
gccagctcta gttttcagcc ttgggaggtt ttattctgac ttctctgat tttggcatgt 1260
ggagacactc ctataaggag agttcaagcc tgtgggagta gaaaaatctc attcccagag 1320
tcagaggaga agagacatgt accttgacca tcgtccttcc tctcaagcta gccagagggt 1380
gggagcctaa ggaagcgtgg ggtagcagat ggagtaatgg tcacgaggtc cagaccactc 1440
cccaaagctc agacttgcca ggctcccttt ctcttcttcc ccaggctcct ccttttaggtc 1500
tggttgtgtg accatctgct tggttggtcg gcagctgaga gccctgctgt gggagagcga 1560
aggggggtcaa aggaagactt gaagcacaga gggctaggga ggtggggtag atttctctga 1620
gcagtcaggg tgggaagaaa gaatgcaaga gtggactgaa tgtgcctaag ggagaagacc 1680
cacgtgctag gggatgaggg gcttcctggg tcctgttccc taccatattt gtggtcacag 1740
ccatgaagtc accgggatga acctatcctt ccagtggctc gctccctgta gctctgcctc 1800
cctctccata tctccttccc ctacacctcc ctccccacac ctccctactc ccctgggcat 1860
cttctggctt gactggatgg aaggagactt aggaacctac cagttggcca tgatgtcttt 1920
tcttcttttt ctttttttta acaaaacaga acaaaaccaa aaaatgtcca gaaaaaaaaa 1980
aaaaaaaaaa gaggaggttg gggaagag 2008

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 79:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1905 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:79:

```

      ttttgtagt gaacaacgtc tctttatattt ggggaggagc cgggcggaca gtagaagtaa 60
      acccttgccg gttaattaaa ctgcccgagg tcccgcggcg agtggtggggc gggacgtgaa 120
      gtggcagctc ctacagtaca aggccactat gtgctatacg catgcgctgt ttcttcagcg 180
5      ccagctccgc ccccgccgca gcgaggcggg taggttccgc ccgcgcgcac tacgccctga 240
      cgtcagcgcc gccgcgcagc gcagtgcaga aatcggctgg tttatattgg cgcggcccag 300
      acggcagagg tctctgcggc gcggtcctcg gagacacgcg gcggtgtcct gtgttgggca 360
      tggccgacta cctgattagt gggggcacgt cctacgtgcc agacgacgga ctcacagcac 420
      agcagctctt caactgcgga gacggcctca cctacaatga ctttctcatt ctccctgggt 480
10      acatcgactt cactgcagac cagggtggac tgacttctgc tctgaccaag aaaatcactc 540
      ttaagacccc actggtttcc tctcccatgg acacagtcac agaggctggg atggccatag 600
      caatggcgct tacaggcgat ggattcatca cagaccctgt ggtcctcagc cccaaggatc 660
      gcgtgcggga tgtttttgag gccaaaggcc ggcatgggtt ctgcggtatc ccaatcacag 720
15      acacaggccg gatggggagc cgcttggtgg gcatcatctc ctccaggggac attgattttc 780
      tcaaagagga ggaacatgac tgtttcttgg aagagataat gacaaagagg gaagacttgg 840
      tggtagcccc tgcaggcatc aactgaagg aggcaaatga aattctgcag cgcacaagaa 900
      gggaaagtgt cccattgtaa atgaagatga tgagcttgtg gccatcattg cccggacaga 960
      cctgaagaag aatcgggact acccactagc ctccaaagat gccaagaaac agctgctgtg 1020
20      tggggcagcc attggcactc atgaggatga caagtatagg ctggacttgc tcgccaggc 1080
      tgggtgtggat gtagtgggtt tggactcttc ccagggaat tccatcttcc agatcaatat 1140
      tgcaagtagc atcaaagaca aataccctaa tctccaagtc attggaggca atgtggtcac 1200
      tgctgccag gccaaagaacc tcattgatgc aggtgtggat gccctgcggg tgggcattgg 1260
25      aagtggctcc atctgcatta cgcagggaag gctggcctgt gggcgccccc aagcaacagc 1320
      agtgtagaag gtgtcagagt atgcacggcg ctttgggtgt ccggtcattg ctgatggagg 1380
      aatccaaaat gtgggtcata ttgcgaaagc cttggccctt ggggcctcca cagtcatgat 1440
      gggctctctc ctggctgcca ccactgaggc ccctggtgaa tacttctttt ccgatgggat 1500
      ccggctaag aaatatcgcg gtatgggttc tctcgatgcc atggacaagc acctcagcag 1560
30      ccagaacaga ttttccagtg aagctgacaa aatcaaagtg gccaggagg tgtctggtgc 1620
      tgtgcaggac aaagggtcaa tccacaaatt tgtcccttac ctgattgctg gcatccaaca 1680
      ctcattgccag gacattggtg ccaagagctt gacccaagtc cgagccatga tgtactctgg 1740
      ggagcttaag tttgagaaga gaacgtcctc agcccagggt gaaggtggcg tccatagcct 1800
      ccattcgtat gagaagcggc ttttctgaaa agggatccag cacacctcct cgggtttttt 1860
35      ttcaataaaa gtttagaaag aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaa 1905

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 80:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2156 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:80:

ggggccccgg	gcttcccgt	cggtccccg	ctgagctcgc	ccgtgttccc	gcgggcggg	60	
ttcggtctcta	agggtccctc	cagctcggtg	acgtcccgcg	tgtaccaggt	gtcgcgcacg	120	5
tcgggccccg	ccggggccct	ggggtcgctg	cgggccagcc	ggctggggac	caccgcacg	180	
ccctctctct	acggcgcagg	cgagctgctg	gacttctcac	tggccgacgc	ggtgaaccag	240	
gagttttctga	ccacgcgcac	caacgagaag	gtggagctgc	aggagctcaa	tgaccgcttc	300	
gccaaactaca	tcgagaaggt	gcgcttcttg	gagcagcaga	acgcggcgct	cgccgccgaa	360	
gtgaaccggc	tcaagggccg	cgagccgacg	cgagtggccg	agctctacga	ggaggagctg	420	10
cgggagctgc	ggcgccaggt	ggaggtgctc	actaaccagc	gcgcgcgcgt	cgacgtcgag	480	
cgcgacaacc	tgtctgacga	cctgcagcgg	ctcaaggcca	agctgcagga	ggagattcag	540	
ttgaaggaag	aagcagagaa	caatttggt	gccttccgag	cggacgtgga	tgcagctact	600	
ctagctcgca	ttgacctgga	gcgcagaatt	gaatctctca	acgaggagat	cggttccctt	660	15
aagaaaagtgc	atgaagagga	gatccgtgag	ttgcaggctc	agcttcagga	acagcaggtc	720	
caggtggaga	tggacatgtc	taagccagac	ctcactgccg	ccctcaggga	catccgggct	780	
cagtatgaga	ccatcgcgcc	taagaacatt	tctgaagctg	aggagtggta	caagtcgaag	840	
gtgtcagacc	tgaccagggc	agccaacaag	aacaacgacg	ccctgcgcca	ggccaagcag	900	
gagatgatgg	aataccgaca	ccagatccag	tcctacacct	gcgagattga	cgccctgaag	960	20
ggcactaacg	attccctgat	gaggcagatg	cggaatttgg	aggaccgatt	tgccagtga	1020	
gccagtggct	accaggacaa	cattgcgcgc	ctggaggagg	aaatccggca	cctcaaggat	1080	
gagatggccc	gccatctgcg	cgagtaccag	gacctgctca	acgtgaagat	ggccctggat	1140	
gtggagattg	ccacctaccg	gaagctgctg	gagggagagg	agagccggat	caatctcccc	1200	25
atccagacct	actctgccct	caacttccga	gaaaccagcc	ctgagcaaag	gggttctgag	1260	
gtccatacca	agaagacggt	gatgatcaag	accatcgaga	cacgggatgg	ggaggtcgct	1320	
agtgaggcca	cacagcagca	gcatgaagtg	ctctaaagac	agagaccctc	tgccaccaga	1380	
gaccgtcttc	acccctgtcc	tcactgctcc	ctgaagccag	ccttcttcca	tcccaggaca	1440	
ccacaccag	cctcagtcct	cccctcacag	cgtctgacct	ctcctcactg	gccatccctc	1500	30
gtggtcccca	acagcgacat	agcccatccc	tgcctggtca	cagggcattgc	cccggccacc	1560	
tctgcggaac	ccagctgtga	gccttggtctg	ttggcagtga	gtgagcctgg	ctcttggtct	1620	
ggatggagcc	caggcgggag	cggtgccct	gtccctccca	cctctgtgac	ctcaggcact	1680	
agccttttgg	tctggagaca	gccccagagc	agggtgttgg	gatactgcag	ggccaggact	1740	
gagccccgca	gacctcccca	gcccctagcc	caggagagag	aaagccaggc	aggtagccag	1800	35
ggggactagc	ccctgtggag	actggggggc	ttgaaattgt	ccccgtggtc	tcttactttc	1860	
ctttccccag	cccagggtgg	acttagaaag	caggggctac	aagaggggat	ccccgaaggt	1920	
gctggaggtg	ggagcaggag	attgagaagg	agagaaagtg	ggtgagatgc	tggagaagag	1980	
aggagaggag	agaggcagag	agcgggtctc	ggctggtggg	aggggcgccc	acctccccac	2040	40
gccctccctc	cccctgctgc	aggggctctg	gagagaaaca	ataaagagat	tcacacacaa	2100	
gcaaaaagaa	aagaaaaaaa	aaaaaaaaag	aaaggaaaga	aggaagaaa	aggtgc	2156	

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 81:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 906 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:81:

```

10  gtgcaggccg cgggtggggtg gggcgggcgaa ggccggaagg gataaaaccg cagtcgcccgg 60
    cctcgcgggg ctacaggcct cgctcggtg tgcagcggg tcctctctat ctactctcag120
    cctctcgctt ggcggccact ccccgcgctc cgctcctag ccgacctgg ccggggccct180
    ggcgcccccg ctgctcctgc tggccatcct ggccgtggcc ctggccgtga gccccgcggc240
    cggctccagt cccggcaagc cgccgcgcct ggtgggaggc cccatggacg ccagcgaggga300
15  ggaggagggt gtgcggcggtg cactggactt tgcgctcgcc gagtacaaca aagccagcaa360
    cgacatgtac cacagcgcg cgctgcagg ggtgcgcgcc cgcaagcaga tcgtagctgg420
    ggtgaactac ttcttgagcg tggagctggg ccgaaccacg tgtaccaaga cccagcccaa480
    cttggacaac tgcccccttc atgaccagcc acatctgaaa aggaaagcat tctgctcttt540
    ccagatctac gctgtgcctt ggcagggcac aatgacctt tcgaaatcca cctgtcagga600
20  cgctagggg tctgtaccgg gctggcctgt gcctatcacc tcttatgcac acctcccacc660
    cctgtattc caccctctgg actggtggcc cctgccttgg ggaaggctc cccatgtgcc720
    tgcaccagga gacagacaga gaaggcagca ggcggccttt gttgtcagc aaggggctct780
    gccctccctc ctctctctt gcttctcata gcccgggtgt gcggtgcata cccccccacc840
25  tcctgcaata aaatagtagc atcggaacaa aaaaaaaga ggaagagggg aaggaaggga900
    gatgcc                                     906

```

30 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 82:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 595 Basenpaare

35 (B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

50 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

55 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

60 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:82:

```

    cgcggtcgcc aaaaagaaag acaacgggaa gaaggagttt ggagccgact gcaagtacaa 60
    gtttgagaac tggggtgctg gtgatggggg cacaggcacc aaagtccgcc aaggcaccct120
    gaagaaggcg cgctacaatg ctactgcca ggagaccatc cgctcacca agccctgcac180
65  - ccccaagacc aaagcaaagg ccaaagccaa gaaagggaag ggaaaggact agacgccaag240
    cctggatgcc aaggagcccc tgggtgcaca tggggcctgg cccacgcctt ccctctccca300

```

ggcccgagat gtgaccacc agtgccttct gtctgctcgt tagctttaat caatcatgcc360
 ctgccttgct cctctcactc cccagcccca cccctaagtg cccaaagtgg ggaggggacaa420
 gggattctgg gaagcttgag cctcccccac agcaatgtga gtcccagagc ccgcttttgt480
 tcttccccac aattccatta ctaagaaaca catcaaataa actgactttt tccccccaaa540
 aaaagctctt cttttttaat ataaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa agaaa 595

5

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 83:

10

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1566 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

30

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:83:

40

gcgttcctgc ctgaggcgcg cccgccccgg ggtaagctcg cgcgcgcgcg tcaactcagcg 60
 ctgggtctct cggtcccgca gccgtgagga ggacggctct catactcgct gccgcgcgcg 120
 tccctccccc gcgtccctgc gaccgcccgc gcgaagatgg cctcaggagt gcaagtagct 180
 gatgaagtat gtgcgatttt ttatgacatg aaagtctcga aatgtccac accagaagaa 240
 atcaagaaaa gaaagaaggc tgtcattttt tgtctcagtg cagacaaaaa gtgcatcatt 300
 gtagaagaag gcaaagagat cttgggttga gatgttggtg taaccataac tgatcccttc 360
 aagcattttg tgggaatgct tccgaaaaa gattgtcgct atgctttgta tgatgcaagc 420
 tttgaaacaa aagaatccag aaaagaagag ttgatgtttt tttgtggtgc accagaacta 480
 gcacctctga aaagtaaaat gatctatgca agctccaagg atgcaattaa aaagaaattt 540
 caaggcataa aacatgaatg tcaagcaaat ggaccagaag atctcaatcg ggcttgattt 600
 gctgaaaagt taggtggatc cttaattgta gcccttgaag gatgccctgt gtagattatt 660
 cagtgccaca aattgaaagc ttccatgttt aatgttatcc tcttgctata taaataaagc 720
 aaatatattt aggccagggt ctcaactgag gggagctgtc ttgtcatctt ttagagtaaa 780
 ctattctata aacatagcga aacagcccta aataaatcta agtctaaaag ttttattgat 840
 gtgaaattaa attcttattg gccaaatgcc tgttttgatg agttgattta taaagatttt 900
 tgtaagctc aggattttta attacacagt tcacaaacag taaaggccat gtgaagagaa 960
 ttattacatc ttatttaacc tcagcattta ctttgtttct tttgcttagg aaattgctca1020
 taatctgggt ataattttgg tccaaattct ttattcttcc ttgagctaag cagaataatg1080
 gaataataa tgtcttcata atataacaac actaatcac taatagtaag attaaagttag1140
 gcagtcttct accaaatgtg taatggagat tgcctcaaaa ttgtgtccac ataatccacg1200
 ctcatcttgc aaagcgctat ttcaggcaca tcattggaat acaggaagta gccctgcacc1260
 tgccagttag ctgcgccatt actgattgga agagtgcact ggcattcttg aaatcattgt1320
 gtgtcttcag gagaatgtgc agtgtcttgt aacaactaat tataatgcaa attagggtca1380
 cattgtaatc tgctttgtta atgaaaatga taaaacagaa tattgacaag ctaggacacc1440
 tgtggtatct ttaattgtat ctccctcaga agtttgcttc ttatggtata ataaagtatg1500

45

50

55

60

65

gaagaataaaa aaaaaaaaaa gagagaaaaa aagggggaagg aggggagagt gttggagaga1560
ggaggg 1566

5

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 84:

10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1047 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

30

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:84:

40 actgcgagac gcgcgcgcgc tctcggcgtc gctctggact ggcgagggcg caagccggca 60
agatggcggc ggctggggct ggccgtctga ggcggtggc atcggtctctg ctgctgcgga 120
ccccgcctg cccgcccggg agctgtcggc cccggcccga ctctatcaca agaagggttg 180
tgatcattat gaaaatccta gaaacgtggg gtcccttgac aagacatcta aaaatgttgg 240
aactggactg gtgggggctc cagcatgtgg tgacgtaatg aaattacaga ttcaagtggg 300
45 tgaaaagggg aagattgtgg atgctagggt taaaacattt ggctgtgggt cgcgaattgc 360
ctccagctca ttagccactg aatgggtgaa aggaaagacg gtggaggaag ccttgactat 420
caaaaacaca gatatcgcca aggagctctg ccttcctccc gtgaaactgc actgctccat 480
gctggctgaa gatgcaatca aggcgcgcct ggctgattac aaattgaaac aagaacccaa 540
aaaaggagag gcagagaaga aatgagccct cctcggcga aacctccagc aggcacacc 600
50 agctgtttcc cacctgctgt gcagtcacct tagatgttca gaagccgctt cctctccact 660
gaagagctat gagatacgca caatacttgc tgttcacgtt atgactctca tgcaagcaaa 720
atacacagtt tcattgttct gaatcctgtg gtttctttca gccactttt atcgcttaa 780
cctagttaat gtatatattg aattgtgtgt atgacctcag aactgaaatt gataatgaag 840
ttgcaagttt tgatagcccg tgaagtgcac aagtatctaa ttttacctga attgatttgg 900
55 ggggaaatta ccagtagaat gccttggtct gaatatattg tagaaccaat tgttgtacat 960
aaaacagatc tgcgcatata tatatatgta taaaaataa taaaataatg gaagatgaaa1020
aaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaa 1047

60

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 85:

65 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 519 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel



(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:85:

```
ggccagccct ggggcgcctt aaaaaccgga gctggcgctt ggcatcgcca ctctgggcag 60
gatccaacgt cgctccagct gctcttgacg actccacaga taccocgaag ccatggcaag120
caagggttg caggacctga agcaacaggt ggaggggacc gccaggaag ccgtgtcagc180
ggccggagcg gcaggtcagc aagtgggtga ccaggccaca gaggcggggc agaaagccat240
ggaccagctg gccaaagacca ccaggaaac catcgacaag actgctaacc aggcctctga300
caccttctct gggattcggg aaaaaattcg gcctcctgaa atgacagcag ggagacttgg360
gtcggcctcc tgaaatgata gcaggagac ttgggtgacc ccccttccag gcgccatcta420
gcacagcctg gccctgatct ccgggcagcc accacctcct cggtctgccc cctcattaaa480
attcacgttc ccaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaagttttg 519
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 86:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2170 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:86:

```

5  ggacaaacac ggacagtatc tcatcgggca tggactaag gtctacatcg accccttcac 60
   ttatgaagac cctaattgagg ctgtgaggga atttgcaaaa gagatcgatg tctcctacgt 120
   caagattgaa gaggtgattg gtgcagggtga gtttggcggag gtgtgccggg ggccggctcaa 180
   ggccccaggg aagaaggaga gctgtgtggc aatcaagacc ctgaagggtg gctacacgga 240
   gcggcagcgg cgtgagtttc tgagcagggc ctccatcatg ggccagttcg agcaccctaa 300
10 tatcatccgc ctggaggggc tggtcaccaa cagcatgccc gtcatgattc tcacagagtt 360
   catggagaac ggcgccttg actccttcct gcggctaaac gacggacagt tcacagtcac 420
   ccagctcgtg ggcattgctgc ggggcacatgc ctccgggcacg cggtagcctt cagagatgag 480
   ctacgtccac cgagacctgg ctgctcgcaa catcctagtc aacagcaacc tcgtctgcaa 540
   agtgtctgac tttggccttt ccgatttcct ggaggagaac tcttcgac ccacctacac 600
15 gagctccctg ggaggaaaga ttcccatccg atggactgcc ccggaggcca ttgccttcgg 660
   gaagttcact tccgccagtg atgcctggag ttacgggatt gtgatgtggg aggtgatgtc 720
   atttggggag aggcctgact gggacatgag caatcaggac gtgatcaatg ccattgaaca 780
   ggactaccgg ctgccccgcg cccagactgc tccacctcc ctccaccagc tcagtctgga 840
20 ctgttggcag aaagaccgga atgcccggcc ccgcttcccc cagggtgtca gcgctctgga 900
   caagatgatc cggaaccccg ccagcctcaa aatcgtggcc cgggagaatg gcggggcctc 960
   acacctcttc ctggaccagc ggcagcctca ctactcagct tttggtctg tgggcgagt1020
   gcttcggggc atcaaaatgg gaagatacga agaaagtct gcagccgctg gctttggctc1080
   cttcgagctg gtcagccaga tctctgctga ggacctgctc cgaatcggag tcaactctggc1140
25 gggacaccag aagaaaatct tggccagtggt ccagcacatg aagtcccagg ccaagccggg1200
   aaccccggtt gggacaggag gaccggcccc gcagtactga cctgcaggaa ctccccaccc1260
   cagggaacac gcctcccat tttccggggc agagtgggga ctacacagag cccccagccc1320
   tgtgccccgc tggattgcac tttgagcccg tgggtgagg agttggcaat ttggagagac1380
   aggatttggg ggttctgcca taataggagg ggaaaatcac cccccagcca cctcggggaa1440
30 ctccagacca aggtgagggg cgctttccc tcaggactgg gtgtgaccag agggaaagga1500
   agtgcceaac atctcccagc ctcccagggt gccccctca ccttgatggg tgcgttccc1560
   cagaccaaag agagtgtgac tcccttgcca gctccagagt gggggggctg tcccaggggg1620
   caagaagggg tgtcagggcc cagtgcacaa atcattgggg tttgtagtcc caacttgctg1680
35 ctgtcaccac caaactcaat catttttttc ccttgtaa atgccccccc cagctgctgc1740
   ctccatattg aaggttttt agttttgttt ttggtcttaa tttttctccc cgttcccttt1800
   ttgtttcttc gttttgttt tctaccgtcc ttgtcataac tttgtgttgg agggaaacct1860
   tttcactatg gcctccttt cccaagtga aacaggggcc catcatcatg tctgtttcca1920
   gaacagtgcc ttgtcatcc cacatcccg gaccccgctt gggaccccca agctgtgtcc1980
40 tatgaagggg tgtgggtga ggtagtga aaaggcgtag ttggtgtgtg aaccagaaa2040
   cggacgccgg tcttggagg ggttcttaaa ttatatataa aaaagtaact tttgtataa2100
   ataaaagaaa atgggacgtg tacaagctcc agggaaaaaa aaaaaaaa aaaaaactcg2160
   agactagttc                                     2170

```

45

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 87:

50 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2264 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

55 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

60

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

65

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:87:

10

```

gccccagcca ccagctactg tgtggagtgc tcggagcctc tgtgtgagac ctgtgtagag 60
gcggccaaag cccgccc aaaaggggcgg ggtgaagtac accaaggacc atactgtgcg 120
ctctactggg ccagccaagt ctccggatgg tgaacgtact gtctattgca acgtacacaa 180
gcatgaaccc cttgtgctgt tttgtgagag ctgtgatact ctcacctgcc gagactgcc 240
gctcaatgcc cacaaggacc accagtacca gttcttagag gatgcagtga ggaaccagcg 300
caagtccctg cctcactggg gaagcgcctt ggggacaaac atgcaacatt gcagaagagc 360
accaaggagg ttcgcagctc aatccgccag gtgtctgacg tacagaagcg tgtgcaagtg 420
gatgtcaaga tggccatcct gcagatcatg aaggagctga ataagcgggg ccgtgtgctg 480
gtcaatgatg cccagaaggg gactgagggg cagcaggagc gcctggagcg gcagcactgg 540
accatgacca agatccagaa gcaccaggag cacattctgc gctttgcctc ttgggctctg 600
gagagtgaac acaacacagc ccttttgctt tctaagaagt tgatctactt ccagctgcac 660
cgggccctca agatgattgt ggatcccggt gagccacatg gcgagatgaa gtttcagtgg 720
gacctcaatg cctggaccaaa gagtgcagag gcctttggca agattgtggc agagcgtcct 780
ggcactaact caacaggccc tgcacccatg gccctccaa gagccccagg gccctgagc 840
aagcagggct ctggcagcag ccagcccatg gaggtgcagg aaggctatgg ctttgggtca 900
ggagatgata cctactcaag tgcagagccc catgtgtcag gtgtgaaacg gtcccgtca 960
ggtgagggcg aggtgagcgg ccttatgcgc aagggtccac gagtgagcct tgaacgcctg 1020
gacctggacc tcacagctga cagccagcca cccgtcttca aggtcttccc aggcagtacc 1080
actgaggact acaaccttat tgttattgaa cgtggcgctg ccgctgcagc taccggccag 1140
ccagggactg cgcctgcagg aaccctgggt gcccacccc tggctggcat ggccattgtc 1200
aaggaggagg agacggaggc tgccattgga gccctccta ctgccactga gggccctgag 1260
accaaacctg tgcttatggc tcttgcgagg ggtcctgggt ctgagggtcc ccgctggcc 1320
tcacctagtg gcagcaccag ctcagggtcg gagtggtgg ctctgaggg tacctcagcc 1380
ccagggtgtg gcccggaac cctggatgac agtgccacca tttgccgtgt ctgccagaag 1440
ccaggcgatc tggttatgtg caaccagtgt gagttttgtt tccacctgga ctgtcacctg 1500
ccggccctgc aggtatgtac aggggaggag tggagctgct cactctgcca tgtgtccctc 1560
gacctgaagg aggaggatgg cagcctcagc ctggatgggt cagacagcac tggcgtgggt 1620
gccaagctct caccagccaa ccagcgaaa tgtgagcgtg tactgctggc cctattctgt 1680
cacgaacctt gccgccccct gcatcagctg gctaccgact ccaccttctc cctggaccag 1740
cccggtggca cctggatct gaccctgatc cgtgcccgcc tccaggagaa gttgtcacct 1800
ccctacagct cccacagga gtttgcccag gatgtgggccc gcatgttcaa gcaattcaac 1860
aagttaactg aggacaaggc agacgtgcag tccatcatcg gcctgcagcg cttcttcagag 1920
acgcgcatga acgaggcctt cgggtgacacc aagttctctg ctgtgctggt ggagcccccg 1980
ccgatgagcc tgccctggtc tggcctgagt tcccaggagc tgtctggtgg ccctgggtgat 2040
ggccccctgag gctggagccc ccatggccag ccagcctgg ctctgttctc tgtcctgtca 2100
ccccatcccc actcccctgg tggcctgact ccaactccct ggtggcccca tccccagtt 2160
cctcacgata tgggtttttac ttctgtggat ttaataaaaa cttcaccagt taaaaaaaaa 2220
aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaa 2264

```

30

35

40

45

50

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 88:

55

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 511 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

65

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:88:

20 cccagagcct tctgggtagc ggtttaaccc cgcctctggc gtcggcgccct tccttttcct 60
ccctgtcgcc accgaggtcg cagcggtgag acttctccgc cgcagacgcc gccgcgatgc120
gctacgtcgc ctctacctg ctggctgccc tagggggcaa ctctccccc agcgccaagg180
acatcaagaa gatcttgac agcgtggga tcgaggcgga cgacgaccgg ctcaacaagg240
25 ttatcagtga gctgaatgga aaaaacattg aagacgtcat tgcccagggt attggcaagc300
ttgccagtgt acctgctggt ggggctgtag ccgtctctgc tgcccaggc tctgcagccc360
ctgctgctgg ttctgcccct gctgcagcag aggagaagaa agatgagaag aaggaggagt420
ctgaagagtc agatgatgac atgggatttg gcctttttga ttaaattcct gctcccctgc480
aaataaagcc tttttacaca tctaaaaaaa a 511
30

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 89:

35 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1270 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

55 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

60

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:89:

65 tttttttctc gacaagatgg ccacaccggc ggtaccagta agtgctctc cggccacgcc 60
aaccacagtc ccggcgccgg cccagcctc agttccagc ccaacgccag caccggctgc 120

```

ggctccggtt cccgctgagg ctccagcctc atcctcagac cctgcggcag cagcggtgc 180
aactgcggct cctggccaga ccccgccctc agcgcaagtc cagcgagac cccagcgccc 240
gctctgcctg gtcctgctct tccaggcccc tccccggcg gccgctggt caggctgcac 300
ccagtcattt tggcctccat tgtggacagc tacgagagac gcaacgaggg tgetgcccga 360
gttatcgga cctgtttggg aactgtcgac aaacactcag tggaggtcac caattgcttt 420
tcagtgcgc acaatgagtc agaagatgaa gtggctgttg acatggaatt tgctaagaat 480
atgtatgaac tgcataaaaa agtttctcca aatgagctca tctgggctg gtacgctacg 540
ggccatgaca tcacagagca ctctgtgctg atccatgagt actacagccg agaggccccc 600
aaccctatcc acctcactgt ggacacaagt ctccagaacg gccgcatgag catcaaagcc 660
tacgtcagca ctttaatggg agtccctggg aggaccatgg gagtgatgtt cagcctctg 720
acagtgaat acgctacta cgacactgaa cgcacggag ttgacctgat catgaagacc 780
tgctttagcc ccaacagagt gattggactc tcaagtgact tgcagcaagt aggaggggca 840
tcagctcgca tccagatgc cctgagtaca gtgttgcaat atgcagagga tgtactgtct 900
ggaaagtggt cagctgacaa tactgtgggc cgcttcctga tgagcctggt taaccaagta 960
ccgaaaatag ttcccgatga ctttgagacc atgctcaaca gcaacatcaa tgaccttttg 1020
atggtgacct acctggccaa cctcacacag tcacagattg cactcaatga aaaacttgta 1080
aacctgtgaa tggaccccaa gcagtacact tgctggctta ggtattaacc ccaggactca 1140
gaagtgaagg agaaatgggt tttttgtggg cttgagtcac actgagatag tcagttgtgt 1200
gtgactctaa taaacggagc ctaccttttg taaatttaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1260
aaaagaacgg
1270

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 90:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2863 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:90:

```

gccacgggtc ataatgatcg tgacagatgg gagacctcag gactccgtgg ccgagggtggc 60
tgctaaggca cgggacacgg gcatacctaat ctttgccatt ggtgtggggc aggtagactt 120
caacaccttg aagtccattg ggagtgaagg ccatgaggac catgtcttcc ttgtggccaa 180
tttcagccag attgagacgc tgacctccgt gttccagaag aagttgtgca cggcccacat 240
gtgcagcacc ctggagcata actgtgccca cttctgcac aacatccctg gctcatacgt 300
ctgcagggtc aaacaaggct acattctcaa ctcgatcag acgacttgca gaatccagga 360
tctgtgtgcc atggaggacc acaactgtga gcagctctgt gtgaatgtgc cgggctcctt 420
cgtctgccag tgctacagtg gctacgccct ggctgaggat gggaagaggt gtgtggctgt 480
ggactactgt gcctcagaaa accacggatg tgaacatgag tgtgtaaatg ctgatggctc 540
ctacctttgc cagtgccatg aaggatttgc tottaacca gataaaaaaa cgtgcacaaa 600

```

```

gatagactac tgtgcctcat ctaatcacgg atgtcagcac gagtgtgtta acacagatga 660
ttcctattcc tgccactgcc tgaagggtt taccttgaat ccagataaga aaacctgcag 720
aaggatcaac tactgtgcac tgaacaaacc gggctgtgag catgagtgcg tcaacatgga 780
5 ggagagctac tactgccgct gccaccgtgg ctacactctg gacccaatg gcaaaacctg 840
cagccgagtg gaccactgtg cacagcagga ccatggctgt gagcagctgt gtctgaacac 900
ggaggattcc ttcgtctgcc agtgctcaga aggttctctc atcaacgagg acctcaagac 960
ctgctcccggtgtggattactgcctgtgtgagtgacctgggtgtgtgaatactcctgtgtcaa1020
10 catggacaga tcccttgcctgtcagtggtcagggacacgtgctccgca gcatgggaa1080
gacgtgtgca aaattggactcttggtgtctctgggggaccacggttgtgaacattcgtgtgt1140
aagcagtgaagattcgtttgtgtgccagtgcttgaaggttatatactccgtgaagatgg1200
aaaaacctgcagaaggaagatgtctgccaagctatagaccatggctgtgaacacatttg1260
tgtgaacagtgacgactcatcacgtgcga gtgcttgagggattccggtcgtctgagga1320
15 tgggaaacgc tgcgaaggaaggatgtctgcaaatcaaccacccatggctgcgaacacat1380
ttgtgttaataatgggaattcctacatctgcaaatgtctcaggggatttg ttctagctga1440
ggacggaaga cgggtgcaagaatgcactgaaggcccaattgacctggtctttgtgatcga1500
tggatccaag agtcttgagagaagaaatgttgaggtcgtgaagcagtttg tcaactggaat1560
tatagattcc ttgacaatttccccaaagcgcctcgagtg gggctgctccagtattccac1620
20 acaggtccac acagagttca ctctgagaaa ctccaactca gccaaagaca tgaaaaaagc1680
cgtggcccac atgaaataca tgggaaagggtctatgactgggctggccc tgaaacacat1740
gtttgagaga agttttaccc aaggagaagg gccaggccc cttccacaa gggtgcccag1800
agcagccatt gtgttcaccg acggacgggc tcaggatgacgtctccgagtgggccagtaa1860
25 agccaaggcc aatggtatcactatgtatgcgttggggtaggaaaagcca ttgaggagga1920
actacaagag attgctctgagccacaaa caagcatctc ttctatgccg aagacttcag1980
cacaatggat gagataagtg aaaaactcaa gaaaggcatc tgtgaagctc tagaagactc2040
cgatggaaga caggactctc cagcagggga actgccaaaa acggtccaac agccaacagt2100
gcaacacaga tatctgtttg aagaagacaa tcttttacgg tctacacaaa agctttccca2160
30 ttcaacaaaa ccttcaggaa gccctttgga agaaaaacac gatcaatgca aatgtgaaaa2220
ccttataatg ttccagaacc ttgcaaacga agaagtaaga aaattaacac agcgcttaga2280
agaaatgaca cagagaatgg aagccctgga aaatcgctg agatacagat gaagattaga2340
aatcgcgaca catttgtagt cattgtatca cggattacaa tgaacgcagt gcagagcccc2400
aaagctcagg ctattgttaa atcaataatg ttgtgaagta aaacaatcag tactgagaaa2460
35 cctggtttgc cacagaacaa agacaagaag tatacactaa cttgtataaa tttatctagg2520
aaaaaatcc ttcagaattc taagatgaat ttaccagggtg agaatagaata agctatgcaa2580
ggtattttgt aatatactgt ggacacaact tgcttctgcc tcatcctgcc ttagtgtgca2640
atctcatttg actatacgat aaagtttgca cagtcttact tctgtagaac actggccata2700
40 ggaaatgctg tttttttgta ctggacttta ccttgatata tgtatatgga tgtatgcata2760
aaatcatagg acatatgtac ttgtggaaca agttggattt tttatacaat attaaaaattc2820
accacttcag agaaaaaaa aaaaaaaaa aaaaaaaaa aaa 2863

```

45 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 91:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 50 (A) LÄNGE: 1315 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

55 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

60 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

65 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:91:

```

gccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc 60
ccccccccc cccccccccc gccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc 120
aaccocgacc ggcactttaa tttcggggaa aaaccgtatt tttttcttgt ccaattatgt 180
ctaaagacac actacataga aagaggccct ataaactcaa aaagtcattg ggaaacttaa 240
agtctattct actttgcaag aggagaaatg tgttttatga acgatagatc acatcagaac 300
tcctgtgggg aggaaacctt ataaattaaa cacatggccc ccttagagac cacaggcgat 360
gtctgtctcc atccttcctt ctctctttct gtcacctttc cccctagctg gtccttttgg 420
acctaccctt gtccttgctg acttggtgtg cattgtattc caaacgtgtt tacaggttct 480
cttaagcaat gttgtatttg caggcttttc tgaataccaa atctgctttt tgtaaagcgt 540
aaaaacatca caaagtaggt cattccatca ccaccctgtt ctctctacac attttgctt 600
tggggatctg gttgggggtt tgggtttttt gttgtgtgtt tttatttgtt attttaaagg 660
taaattgcac ttttaaaaaa ataattggtt gacttaatat atttgctttt tttctcacct 720
gcacttagag gaaatttgaa caagttggaa aaaaacaatt tttgtttcaa ttctaagaaa 780
cacttgacgc tctagtattc acttgagtct tcctgttttt cctgtaccgg gtcattgtaa 840
tttttggttg ttttggttgt tttcttaaaa aacaagttaa aacctgacga tttctgcagg 900
ctgtgtaagc atgtttacct gttggcttgc tttgtgtgtc tgttaaata atgtcatatg 960
taaatgctaa aataaatcga cagtgtctca gaactgaata actgcagtga cttgatgtct 1020
taaacagtg taggatttaa gaatagatgg tttttaatcc tggaaattgt gattgtgacc 1080
catgagtgga ggaactttca gttctaaagc tgataaagtg ttagccaga agagtacttt 1140
tttttttgta accactgtct tgatggcaaa ataattatgg taataaataa gtctcgtgtt 1200
tattattcct taagaactct gtgttatatt accatggaac gcctaataaa gcaaatgtgt 1260
gttgtttcaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa agaacaagaa agccaagact tccag 1315

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 92:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 3287 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:92:

```

ggccgatcgg ttagacctgg aggagctgag caaagatgag gccagtgaga tggagaaggc 60
tgtggagtcg gtggttcggg agagcctgag caggcaacgc agcccagcgc ctggcagccc 120
agatgaggaa ggtggagcgg aggccccggc tgctggcatt cgcttcaggc cttgggccac 180
5 ccgggagctg tacatccctt caggcgagag cgagggttgc ggtggggcct ctcacagctc 240
gggacagcgc actccccagg gccagtgctc ggccactgtg gaggtcagca gcccacagg 300
ctttgccag tcacaggtgc tggaggatgt gagccaggct gcaaggcaca taaaactcgg 360
cccctctgaa gtctggagga ctgagcgaat gtcatatgaa ggaccactg cagaagtgg 420
ggagatggat gtgagtaacg tagaggcgat ccgcagccgg acacaggaag cgggagctct 480
10 cgtgtgtgtc gaccgtggtt cctggagaga cgcgagacgt aggaatgacc aggcagttgg 540
tgtgagcttt aaggcctctg ctggggaagg agaccaggcc cacagagaac agggcaagga 600
gcaggccatg tttgataaga aggtgcagct ccagagaatg gtagaccaa ggtcggatgat 660
ttcagatgaa aagaaagtgt cctcctctta tctagacaat gaggaggagg agaattgatg 720
15 gcattgggtt taataagcag aaacattttg ttttaattgg agcctgttgg cgagtgcca 780
acatccaaag gccttaactt attttaagag gccgagggag tctatgaaaa tctccccttt 840
tttacttttt taaagagtac tcccggcatg gtcaattttc tttatagtta atccgtaaag 900
gtttccagtt aattcatgcc ttaaaaggca ctgcaatttt atttttgagt tgggactttt 960
acaaaaact tttttccctg gagtcttctc tccacttctg gagatgaatt tctatgtttt 1020
20 gcacctggtc acagacatgg cttgcatctg tttgaaacta caattaatta tagatgtca 1080
aacattaacc agattaaagt aatataattt agagtaaatt ttgcttgcat gtgctaata 1140
gaaataacag actaacatct taggggaaaa ataaatacaa tttagactct aaaaagtctt 1200
ttcaaaaaga aatgggaaat aggcagactg tttatgttaa aaaaattctt gctaaatgat 1260
25 ttcactctta ggaaaaaatt acttgccata tagagctaaa ttcacttaa gacttgaatg 1320
aattgctttc tatgtacaga actttaaaaca atatagtatt tatggcgagg acagctgtag 1380
tctgttgtga tatttcacat tctatttgca caggttccct ggccactggt gggtagatga 1440
ttattgggaa tcgcttacag taccatttca ttttttgcca ctaggtcatt aagtagcaca 1500
cagtctgaat gcccttttct ggagtgacca gttcctatca gactgtgcag acttgcgctt 1560
30 ctctgcacct tatcccttag caccacaaca ttttaattca ctggtgggag gtgaccttg 1620
aagacaatga agagaatgcc gatactcaga ctgcagctgg accggcaagc tggctgtgtal 1680
caggaaaatt ggaagcacac agtggaactg gcctcttaa gatgccttc ccaaccctcc 1740
attcatggga tgcaggtctt tctgagctca aggttgaaag atgaatacaa taacaaccat 1800
gaaccacct cacggaagct ttttttgca tttgaacaga agtcattgca gttgggggtg 1860
35 tttgtccagg gaaacagttt attaaataga aggatgtttt ggggaaggaa ctggatatct 1920
ctcctgcagc ccagcaccga gataccagg acgggcctgg ggggcgagaa agggcccat 1980
gctcatgggc cgcgagtggt ggacctgtag ataggacca ccgagtttaa gatactgga 2040
tgagcatgct tcattggatt cattttatct tacacgtcag tattgtttta aagtttctgt 2100
40 ctgtaaagtg tagcatcata tataaaaaga gtttcgctag cagcgcatct tttttatgct 2160
aggctagctt ctttcacata atgctgtctc agctgtatct ccagtaacac agctatctcg 2220
cactgactgt ggcgactgg ggaataacag tctgagctag caccaccctc agccaggcta 2280
caacgacagc actggagggg cttccctctc agattcacct ggaggccctc agaccccccag 2340
gggtgcagtc tccccagggt ctgggagtggt ctaccgcagt agtttctgga gagcacgttt 2400
45 tcttcattga taagtggagg agaaatgcag cacagctttc aagatactat tttaaaaaca 2460
ccatgaatca gatagggaaa gaaagtgtgat tggaaatgga agtttaaac tttgttgtcc 2520
atctgccaaa tgaactagt attgtcagac tggatggag gtgactgctt tgtaagggtt 2580
tgctgtttct aatacagaca gagatgtgct gattttgttt tagctgtaac aggtaatgg 2640
50 ttttgatag atgattgact ggtgagaatt tgggtcaagg gacagcctcc tgtctgatga 2700
caggacagac tgggtgtgag gagtctaagt gggctcagtt tgatgtcagt gtctgggctc 2760
atgacttgta aatggaagct gatgtgaaca ggtaattaat attatgacc acttctatct 2820
actttgggaa atactctgga tcttaattat catctgcaag tttcaagaag tattctgcca 2880
aaagtattta caagtatgga ctcatgagct attgttgggt gctaaatgtg aatcacgcgg 2940
55 gagtgagtgt gcccttcaca ctgtgacatt gtgacattgt gacaagctcc atgtccttta 3000
aatcagtcac ctctgcacac aagagaaatc aacttcgtgg ttggatgggg ccggaacaca 3060
accagtcttt ttgtatttat tgttactgag acaaaacagt actcactgag tgtttttcag 3120
tttctactg gtggttttga tattgtttgt ttaagatgta tatttagaat gacatcatct 3180
aagaagctga ttttgctaaa ctccgtgtcc ctacaatggg aaatgtcaca agaattgtgc 3240
60 aaaataaaaa tctgaggaaa aaacccaaaa aattcctaaa gagaatg 3287

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 93:

65

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- (A) LÄNGE: 2260 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:93:

```

ccggctagcc ttccgggtgt ccgcgtgaga attggctata tcctggagcg agtgcctggga 60
gggtcctagtc cgcgcgcct tattcgagag gtgtcagggc tgggagacta ggatgtcggga 120
cacgtggagc tctatccagg cccacaagaa gcagctggac tctctgctgg agaggctgca 180
gcggaggcgg aagcaggact cggggcactt ggatctacgg aatccagagg cagcattgtc 240
tccaaccttc cgtagtgaac gccagtgcc tactgcaccc acctctgggt gccctaagcc 300
cagcacagct tcagcagttc ctgaattagc tacagatcct gagtttagaga agaagttgct 360
acaccacctc tctgatctgg ccttaacatt gccactgat gctgtgtcca tctgtcttgc 420
catctccacg ccagatgctc ctgccactca agatggggtg gaaagcctcc tgcagaagtt 480
tgacgtcagc gagttgattg aggtaaagcg aggtctccta caagatgatg cacatcctac 540
tcttgaacc tatgctgacc attccaagct ctctgccatg atgggtgctg tggcagaaaa 600
gaagggccct ggggaggtag cagggactgt cacagggcag aagcggcgtg cagaacagga 660
ctcgactaca gtatgtgcct ttgccagtcc gttagtctct ggtctgaact cttcagcctc 720
ggaaccagca aaggagccag ccaagaaatc aaggaaacat gctgcctcag atgttgatct 780
ggagatagag agccttctga accaacagtc cactaaggaa caacagagca agaaggtcag 840
tcaggagatc ctagagctat taaatactac aacagccaag gaacaatcca ttgttgaaaa 900
atttcgctct cgaggtcggg cccaagtga agaattctgt gactatggaa ccaaggagga 960
gtgcatgaaa gccagtgatg ctgatcgacc ctgtcgcaag ctgcacttca gacgaattat1020
caataaacac actgatgagt ctttaggtga ctgctcttcc cttaatacat gtttccacat1080
ggatacctgc aagtatgttc actatgaaat tgatgcttgc atggattctg aggccctgg1140
cagcaaaagc cacacgcca gccaggagct tgctcttaca cagagtgtcg gagtgattc1200
cagtgcagac cgactcttcc cactcagtg gatctgttgt gatatccgct acctggacgt1260
actgcccctat gggaccctga cagttgtgat ggctgaccca ccctgggata ttcacatgga1320
ggatgatggc tttctcttcc tctgggtcac aggcagggcc atggagttgg ggagagaatg1440
tctaaacctc tgggggtatg aacgggtaga tgaaattatt tgggtgaaga caaatcaact1500
gcaacgcatc attcggacag gccgtacagg tcaactggtg aacctaggga aggaacactg1560
cttgggttgg gtcaaaggaa atccccaaag cttcaaccag ggtctggatt gtgatgtgat1620
cgtagctgag gttcgttcca ccagtcataa accagatgaa atctatggca tgattgaaag1680
actatctcct ggcactcgca agattgagtt atttggaaga ccacacaatg tgcaacccaal1740
ctggatcacc cttggaaacc aactggatgg gatccaccta ctagaccag atgtggttgc1800
acggttcaag caaaggatc cagatggtat catctctaaa cctaagaatt tatagaagca1860
cttccttaca gagctaagaa tccatagcca tggctctgta agctaaacct gaagagtgat1920
atttgtacaa tagcttctct ctttatttaa ataaacattt gtattgtagt tgggattctg1980
aagtcacatc tggctctgct acttaacagt gtataatctt gtgcaactca tctctcagta2040
ttatatgtga aatgggagta ttacctcatt ggggtgctgt gaaggttcaa actaaatgag2100
tgcatgggaa acattaaaat gatcattata ggctaggcac agtggctcac acctgtaatc2160
cgagcacttt gggaaagccga ggtaggaggg taactgtagc ccaggagttc aagactagac2220
tgggcaacat agtgagaccc catctctact gctaccctcc 2260

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 94:

- 5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 2786 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STrang: einzel
 10 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA
 15
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 20 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 25 (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
 30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:94:

```

35 aggcacctggg cggtgtggaa ggcattcttg gacacacact ctttaagggc actgacttcc 60
ctacctggga ggggcttttc taggagaagg ccagtggcct tgaggaaatct atgaagtggga 120
agaagctaac taatgctcag cgatcaggac tgaaccagat tccaatcgt agattcaccc 180
tctggtggtc cccgaccatt aatcgagcca atgtatatgt aggctttcag gtgcagctag 240
acctgacggg tatcttcatt cactggaaga tccccacgct gaagatctct ctcattccaga 300
tcttcggagc tcacttctgg cagaagatcc atgagagcat tggttatggac ttatgtcagg 360
tgtttgacca ggaacttgat gcaactggaa ttgagacagt acaaaaggag acaatccatc 420
cccgaaagtc atataagatg aactcttcct gtgcagatat cctgctcttt gcctccata 480
agtggaaatg ctcccgcccc tcattgctgg ctgactccaa ggatgtgatg gacagcacca 540
ccaccagaa atactggatt gacatccagt tgcgctgggg ggactatgat tcccacgaca 600
ttgagcgcta cgcccgggcc aagttcctgg actacaccac cgacaacatg agtatctacc 660
cttcgcccac aggtgtactc atcgccattg acctggccta taacttgca agtgccatg 720
gaaactgggt cccaggcagc aagcctctca tacaacaggc catggccaag atcatgaagg 780
caaaccctgc cctgtatgtg ttacgtgaac ggatccgcaa ggggctacag ctctattcat 840
ctgaaccac tgagccttat ttgtcttctc agaactatgg tgagctcttc tccaaccaga 900
ttatctgggt tgtggatgac accaactctc acagagtgc tttcacaa agcctttgaag 960
ggaacttgac aaccaagccc atcaacggag ccatcttcat cttcaaccca cgcacagggc 1020
agctgttcct caagataatc cacacgtccg tgtgggcggg acagaagcgt ttggggcagt 1080
tggtctaagt gaagacagct gaggagggtg ccgccctgat ccgatctctg cctgtggagg 1140
agcagcccaa gcagatcatt gtcaccagga agggcatgct ggaccactg gaggtgcact 1200
tactggactt cccaatatt gtcacaaag gatcggagct ccaactccct ttccaggcgt 1260
gtctcaaggt ggaaaaatc ggggatctca tccttaaagc cactgagccc cagatgggtc 1320
tcttcaacct ctatgacgac tggctcaaga ctatttcatc ttacacggcc ttctcccgtc 1380
tcctcctgat tctgctgccc ctacatgtga acaacgatcg ggcaaaagt atcctgaagc 1440
cagacaagac tactattaca gaaccacacc acatctggcc cactctgact gacgaagaat 1500
ggatcaaggt cgaggtgcag ctcaaggatc tgatcttggc tgactacggc aagaaaaaca 1560
atgtgaacgt ggcactcactg acacaatcag aaattcgaga catcatcctg ggtatggaga 1620
tctcggcacc gtcacagcag cggcagcaga tcgctgagat cgagaagcag accaaggaac 1680
65 aatcgagct gacggcaaca cagactcgca ctgtcaacaa gcatggcgat gagatcatca 1740

```



```

cctccaccac cagcaactat gagaccaga ctttctcatc caagactgag tggagggtca1800
gggccatctc tgctgccaac ctgcaccta ggaccaatca catctatgtt tcatctgacg1860
acatcaagga gactgggtac acctacatcc ttcccaagaa tgtgcttaag aagttcatct1920
gcatacttga ccttcggggc caaattgcag gatacctata tgggggtgagc ccaccagata1980
acccccaggt gaaggagatc cgctgcattg tgatggtgcc gcagtggggc actcaccaga2040
cogtgcacct gcctggccag ctgccccagc atgagtacct caaggagatg gaacccttag2100
gttggatcca cactcagccc aatgagtccc cgcagttatc accccaggat gtcaccaccc2160
atgccaagat catggctgac aacctatctt gggatggcga gaagaccatt atcatcacat2220
gcagcttcac gccaggctcc tgtacactga cggcctacaa gctgaccccc agtgggtacg2280
aatggggccg ccagaacaca gacaagggca acaaccccaa gggctacctg ccttcacact2340
atgagagggt gcagatgtg ctgtcggacc gtttctcttg cttcttcatg gtccctgccc2400
agtccctgtg gaactacaac ttcatgggtg ttccggcatga cccaacatg aaatatgagc2460
tacagctggc gaaccccaa gagttctacc acgaggtgca caggccctct cacttctca2520
actttgtctt cctgcaggag ggggaggttt actctgcgga tcgggaggac ctgtatgcct2580
gacogtttcc ctgcctcctg cttcagcctc ccgaggccga agcctcagcc cctccagaca2640
ggccgctgac attcagcagt ttggcctctt tccctctgtc tgtgcttgtg ttgttgacct2700
cctgatggct tgtcatcctg aataaaatat aataataaat tttgtataaa taggaaaaaa2760
aaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaa

```

5
10
15
20

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 95:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2125 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25
30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

45

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:95:

55

```

gcatggtgtg aaaggccaag tgctgaggcg ggtatcatgg gtgctgtgcc ctagggcctg 60
ggtggcaggg ggtgggtggc ctgtgggtgt gccggggggg ccagtgtgcc caccacagtc 120
tcttggcgtg ctggagggca tcctggatgg aattgaagtg aatggaacag aagccaagca 180
aggtggagtg tgggtcagac ccagaggaga acagtgccag gtcaccagat ggaaagcgaa 240
aaagaaagaa cggccaatgt tccctgaaaa ccagcatgtc aggtatatac cctagttacc 300
tggacaaaga cgagcagtggt gtcgtgtgtg gggacaaggc aactggttat cactaccgct 360
gtatcaacttg tgagggtgct aagggtctct ttccgcgcac aatccagaag aacctccatc 420
ccacctattc ctgcaaatat gacagctgct gtgtcattga caagatcacc cgcaatcagt 480
gccagctgtg ccgcttcaag aagtgcacg ccgtgggcat ggccatggac ttggttctag 540
atgactcgaa gcgggtggcc aagcgtaact gattgagcag aaccgggagc ggccggcgaa 600
ggaggagatg atccgatcac tgcagcagcg accagagccc actcctgaag agtgggatct 660
gatccacatt gccacagagg cccatcgcat caccaatgcc cagggcagcc attggaaaca 720

```

60
65

```

gaggcgga aa ttcctgccc atgacattgg ccagtcaccc attgtctcca tgccggacgg 780
agacaagggtg gacctggaag ccttcagoga gtttaccagg atcatcacc cggccatcac 840
ccgtgtgtgtg gactttgcca aaaaactgcc catgttctcc gagctgcctt gcgaagacca 900
5 gatcatcctc ctgaaggggt gctgcatgga gatcatgtcc ctgcccggcg ctgtccgcta 960
cgaccctgag agcgacaccc tgacgtgag tggggagatg gctgtcaagc gggagcagct1020
caagaatggc ggccctgggc tagtctccga cgccatcttt gaactgggca agtcaactct1080
tgcccttaac ctggatgaca cggaagtggc tctgtgcag gctgtgctgc taatgtcaac1140
agaccgctcg ggccctgctgt gtgtgggaca gatcgagaag agtcaggagg cgtacctgt1200
10 ggcgttcgag cactacgtca accaccgcaa acacaacatt ccgcacttct ggcccaagct1260
gctgatgaag gagagagaag tgcagagttc gattctgtac aagggggcag cggcagaagg1320
ccggccgggc ggggtcaactg gcgtccaccc ggaaggacag cagcttctcg gaatgcatgt1380
tgttcagggt ccgcagggtc ggcagcttga gcagcagctt ggtgaagcgg gaagtctcca1440
15 agggccgggt cttcagcacc agagcccgaa gagcccgag cagcgtctcc tggagctgt1500
ccaccgaagc ggaattctcc atgcccagc ggtctgtggg gaagacgaca gcagtggagc1560
ggactccccg agctcctctg aggaggaacc ggaggtctgc gaggacctgg caggcaatgc1620
agcctctccc tgaagccccc cagaaggccg atgggggaag agaaggagt ccataccttc1680
tcccaggcct ctgccccaa agcaggaggt gcctgaaagc tgggagcgtg ggctcagcag1740
20 ggctggtcac ctcccatccc gtaagaccac cttcccttcc tcagcaggcc aaacatggcc1800
agactccctt gctttttgct gtgtagttcc ctctgcctgg gatgcccttc cccctttctc1860
tgccctggcaa catcttactt gtcctttgag gcccacac aaagtgtcacc tccttcccc1920
gctccccagc gcagaaatag ttgtctgtgc ttccctgggt catgcttcta ctgtgacact1980
tatctcactg ttttataatt agtcgggcat gagtctgttt cccaagctag actgtgtctg2040
25 aatcatgtct gtatccccag tgcccgggtc agggcctggc atagagtagg tactccataa2100
aagggtgtgt gaattgaaaa aaaaa 2125

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 96:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1910 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:96:

```

acgccttccg cggaggagag caaaacggcg cgcaggccgg gcgcacccac gccacttcc 60
gagagcgccct gccgcccctg cgccgcccag ccagctgcca gaatgccgaa ctggggagga 120
65 ggcaagaaat gtgggtgtgt tcagaagacg gtttactttg ccgaagaggt tcagtgcgaa 180
ggcaacagct tccataaatc ctgcttctct tgcatgggtc gcaagaagaa tctggacagt 240
accactgtgg ccgtgcatgg tgaggagatt tactgcaagt cctgctacgg caagaagtat 300
gggcccacaa gctatggcta cgggcagggc gcaggcacc tcagcactga caagggggag 360

```

```

tcgctgggta tcaagcacga ggaagcccct ggccacagge ccaccacca ccccaatgca 420
tccaaatttg cccagaagat tgggtggctcc gagcgctgcc cccgatgcag ccaggcagtc 480
tatgctgcgg agaaggtgat tgggtgctggg aagtccctggc ataaggcctg ctttogatgt 540
gccaaagtgt gcaaaggcct tgagtcaacc accctggcag acaaggatgg cgagatttac 600
tgcaaaggat gttatgctaa aaacttcggg cccaagggct ttgggttttg gcaaggagct 660
ggggccttgg tccactctga gtgaggccac catcaccac cacaccctgc ccactcctgc 720
gcttttcac gccattccat tcccagcagc tttggagacc tccaggatta tttctctgtc 780
agccctgcca catatcacta atgacttgaa cttgggcac tggctccctt tgggttgggg 840
gtctgcctga ggtcccaccc cactaaaggg ctcccagge ctgggatctg acaccatcac 900
cagtaggaga cctcagtgtt ttgggtctag gtgagagcag gcccctctcc ccacacctcg 960
ccccacagag ctctgttctt agcctcctgt gctgcgtgtc catcatcagc tgaccaagac1020
acctgaggac acatcttggc acccagagga gcagcagcaa caggctggag ggagagggaa1080
gcaagaccaa gatgaggagg ggggaaggct ggggtttttg gatctcagag attctcctct1140
gtgggaaaga ggttgagctt cctgggtgtcc ctgagagtaa gcctgaggag tcccagctta1200
gggagtcact attggaggca gagaggcatg caggcggggg cctaggagcc cctgcttctc1260
caggcctctt gcctttgagt ctttgtggaa tggatagcct cccactagga ctgggaggag1320
aataaccag gtcttaagga ccccaaagtc aggatgttgt ttgatcttct caaacatcta1380
gttccctgct tgatggagg atoctaatga aatacctgaa acatatattg gcatttatca1440
atggctcaaa tcttcattta tctctggcct taacctggc tcctgaggct gcggccagca1500
gagcccagge cagggtctct ttcttgccac acctgcttga tctcagatg tggaggagg1560
taggcactgc ctgagctctt atccaaacac ctttcccttt gccctgagac ctgagaatct1620
tccctttaac ccaagaccct gcctcttcca ctccaccctt ctccaggagc ccttagatca1680
catcactcca ccctgcccag gccccagggt aggaatagt gtgggaggaa ggggaaagg1740
ctgggacctc acgctcccag caactgaaag gacaacacta tctggagcca cccactgaaa1800
gggctgcagg catgggtgtg acccaagctg atttctcctc tgggtcaata agctgttttag1860
accagaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaggggg tagagaggca aaaagggggg 1910

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 97:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1615 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:97:

```

ggcagggact ctgatttggg ggtccgcgct gcccgtgcgc tggetctggc cggggtcggg 60
aaggagtagg tgatggtgcg agagggcagg gagctgcct ggtgacagg ctgtgccccg 120
taggagcagt gccagggtga aggatgccc tggctcctcca gggcactgac tttgcccttt 180
tttcccgttg atagtcatgg ctgagagggt cttgtaaag tcttggaag aggtttctgt 240

```

```

aaccctgcc ctggtgtgag gaggaaatgg ctctggcctg gctgctggc cgtggcttct 300
ctttggctcc caaagagaag gacagtgttg ggagtatctg ccgtggcttc tctttggctc 360
ccaaagagaa ggacagtgtt gggagtatct gccggcgctg tccaggctct ttagtcagcg 420
5 tcactccatc tgatgtgcag aagctgggct gcacctgcgg ggggtggcat agaccgggct 480
gggtctgcag cagccctgg tcctgagcag gcggcagtga acagcactgg cccacctccc 540
actcacagcc cctctgtccc ctctgcagtg caccaggtg ggccctctg cgtgcctttg 600
ggtgtctccc tctctgggtc gttctggccc gaggccctta gagtatggag gctgagccag 660
10 gccttgggtt tccccagcac agcctcctgt cgctgcatgc gacgtgttg gatttttga 720
tgaaagactc tcccacgctc tgttgggtga cttagctgcc tcactggaag tgatgtgggt 780
ggaaggtggt tgtatgttac cttttccacc tctcattgtt tccccagaa cattgtatag 840
gggggttggc agaggagaa ataagccagc cacggcagtc gcttggtttc ccagggtgaa 900
tgggctaaca caggagatga tgggaacctg tcccgagtc cctgcatgac cattggccct 960
15 gctggcctgg cgatgtgggc atcctggggt tcttaggtc ccagaacaag cccaggcaa 1020
gctggaactt ggggtggggag gggacatgag gaggataaac agctgactgt ggcttcaagg 1080
acatcagggc caccccaagt cctcagtgtc ctactcctgg caaggagtgt ggtttggatc 1140
aaaagtgttt aaaattaata tgttgtcagt gattagaaca aactgttta cataaaaaacc 1200
atttttctaa ttctaacaag ttagaatgtg aggaaggaat gaacatgagt gtttaggaac 1260
20 ctgccctttg gtgctgggct ggcgtcccgc actggggtgt cctcgtctgc tgggggctgc 1320
tctgctgccc cggcccaggc ccccttgttg tgttgccaga cgggcctcat ggtctgctgt 1380
gcagagagag gcaggaagga tccctgaaga gtcttgagaa aaaggttctg tgccctcagg 1440
tggggcttac cccctcgtat ttataatctt aatttatata gtgaccaccg tggaaacaaa 1500
25 cgctcttgtt attgtcatgt acatagtcca tacctgagtg ctgtacataa gttgttctgt 1560
gtataataaa aacaagcctg tttttgatct tcaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaa 1615

```

30 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 98:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 35 (A) LÄNGE: 1669 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 50 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

55 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

60 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:98:

```

gaaaggcgga agtggaggcc ggagcctggg acaccgccgg cggggagaga agcggatccc 60
gtccgagccc cggccccaag taacgcgcgc gccccggagc cgccttgag gtccccctcc 120
ccactaagtg cctctttgca tagcaccagt cccacccgc acgctctctg gaccactaca 180
65 gctggacggg caatggcggg tcggggaggc gcagacgacc caatggacca gctgctggga 240
acaagatctg tcaatttaag ctggttctgc tgggggagtc tgcggtaggc aaatccagcc 300
tgcctcctcc ctttgtcaag ggacagtttc acgagtacca ggagagcaca attggagcgg 360
ccttcctcac acagactgtc tgcttgatg acacaacagt caagtttgag atctgggaca 420

```

```

cagctggaca ggagcgggtat cacagcctgg ccccatgta ctatcgggg gccagggctg 480
ccatcggtgt ctatgacatc accaacaacag atacatttgc acgggccaaag aactgggtga 540
aggagctaca gaggcaggcc agccccaaca tcgtcattgc actcgcggtt aacaaggcag 600
acctggccag caagagagcc gtggaattcc aggaagcaca agcctatgca gacgacaaca 660
gtttgctgtt catggagaca tcagcaaaga ctgcaatgaa cgtgaacgaa atcttcatgg 720
caatagctaa gaagcttccc aagaacgagc cccagaatgc aactggtgct ccaggccgaa 780
accgaggtgt ggacctccag gagaacaacc cagccagccg gagccagtgc tgcagcaact 840
gagccccctt tgctgcccgc ctgccccgc ctcctccgc tgaatgacct gactggaatc 900
cactctaacc aatcgcaatt aacgactcgg gccaccactg ggggggcagg gggaggggtc 960
caccatgatt tctccatata attttgatca taggcggag tgagtcattc cactgcacc1020
tttctgtaca aatactaatt caattttaag tcttaagtca cttttttaat atatatgatc1080
ttctgctctt cccacttctt cccctttcta ctgctctccc attttccctt gctgggagta1140
gccacatgct cttgcccccc aacccttgta tatggggaca gtgggggtcag tgcagctacc1200
ctttctttcc ctctgcgga acagcggacc cagcaagagc atccacatcc tcactttgtt1260
cggagtggtc tttggtttgg gcggtggggc agaccttggg aaggggctta ggaaggagaa1320
ggcagctctt ccttcagctg gctctcatca ggctgcagcc cctccccgc tccacctcc1380
ctgctgggaa accacagcat tatcacagca ttattgtgac agccacgaac ccattgccca1440
caacccctcc accctcggtc accccaacct ctggctctga gccctgttct gaccaaata1500
tgatgatgag tatttggggg tgggtgggta agggggggag tgggagggga cggaaccaac1560
tttttctgta ttttgtattg tatgttttct tcaacatgta accaatcagt atcttgtcaal620
tatagtgcgc cgatcgatcg acctcaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1669

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 99:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 4186 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:99:

```

gctgtcgcca ccattggctcc gcaccgcccc gcgcccgcgc tgetttgcgc gctgtccctg 60
gcgctgtgcg cgtgtgcgtc gcccggtgcgc gcggccactg cgtcgcgggg ggcgtcccag 120
gcgggggcgc cccagggggcg ggtgcccgag gcgcggccca acagcatggt ggtggaacac 180
ccgagattcc tcaaggcagg gaaggagcct ggcctgcaga tctggcgtgt ggagaagtcc 240
gatctggtgc ccgtgcccac caacctttat ggagacttct tcacgggcga cgctacgtc 300
atcctgaaga cagtgcagct gaggaacgga aatctgcagt atgacctcca ctactggctg 360
ggcaatgagt gcagccagga tgagagcggg gcggccgcca tctttaccgt gcagctggat 420
gactacctga acggccgggc cgtgcagcac cgtgaggtcc agggcttcga gtcggccacc 480
ttcctaggct acttcaagtc tggcctgaag tacaagaaag gaggtgtggc atcaggattc 540

```

aagcacgtgg taccacaacga ggtggtggtg cagagactct tccaggtcaa agggcgcggt 600
gtgggtccgtg ccaccgaggt acctgtgtcc tgggagagct tcaacaatgg cgactgtctc 660
atcctggacc tgggcaacaa catccaccag tgggtgtggt ccaacagcaa tccgtatgaa 720
5 agactgaagg ccacacaggt gtccaagggc atccgggaca acgagcggag tggccgggcc 780
cgagtgcacg tgtctgagga gggcactgag cccgaggcga tgctccaggt gctgggcccc 840
aagccggctc tgcctgcagg taccgaggac accgccaagg aggatgcggc caaccgcaag 900
ctggccaagc tctacaaggt ctccaatggt gcagggacca tgtccgtctc cctcgtggct 960
10 gatgagaacc ccttcgcccc gggggccctg aagtacagag actgcttcat cctggaccac1020
ggcaaagatg ggaaaatctt tgtctggaaa ggcaagcagg caaacacgga ggagaggaag1080
gctgccttca aaacagcctc tgacttcatc accaagatgg actaccccaa gcagactcag1140
gtctcggtcc ttcttgaggg cggtgagacc ccactgttca agcagttctt caagaactgg1200
cgggaccacg accagacaga tggcctgggc ttgtcctacc tttccagcca tatcgccaac1260
15 gtggagcggg tgcccttcca cgccgccacc ctgcacacct ccactgccat ggcggcccag1320
cacggcatgg atgacgatgg cacaggccag aaacagatct ggagaatcga aggttccaac1380
aaggtgcccg tggaccctgc cacatatgga cagttctatg gaggcgacag tacatcattc1440
tgtacaacta ccgccatggt ggccgccagg ggcagataat ctataactgg caggggtgcc1500
agtctacca ggatgaggtc gctgcatctg ccctcctgac tgctcagctg gatgaggag1560
20 tgggaggtac ccctgtccag agccgtgtgg tccaaggcaa ggagcccgc cactcctcat1620
gcctgttttg tgggaagccc atgatcatct acaaggcgcg cactcccgc gagggcgggc1680
agacagcccc tgccagcacc cgccctcttc aggtccgcgc caacagcgt ggagccacc1740
gggtgttga ggtattgcct aaggctgggt cactgaactc caacgatgcc tttgttctga1800
25 aaacccctc agccgcctac ctgtgggtgg gtacaggagc cagcgaggca gagaagacg1860
gggcccagga gctgctcagg gtgctgcggg cccaacctgt gcaggtggca gaaggcagc1920
agccagatgg cttctgggag gcctggggcg ggaaggctgc ctaccgcaca tccccacggc1980
tgaaggacaa gaagatggat gcccatcctc ctgcctctt tgctgtctc aacaagattg2040
gacgttttgt gatcgaagag gttcctgggt agctcatgca ggaagacctg gcaacggatg2100
30 acgtcatgct tctggacacc tgggaccagg tctttgtctg ggttggaag gattctcaag2160
aagaagaaa gacagaagcc ttgacttctg ctaagcggta catcgagacg gaccagcca2220
atcgggatcg gcggacgccc atcacctggg tgaagcaagg ctttgagcct ccctcctttg2280
tgggctggtt ccttggctgg gatgatgatt actggtctgt ggacccttg gacagggcca2340
tggtgagct ggctgcctga ggaggggag ggcccaccca tgtcaccggt cagtgccttt2400
35 tggaaactgtc cttccctcaa agaggcctta gagcgagcag agcagctctg ctatgagtgt2460
gtgtgtgtgt gtgtgttgtt tttttttttt ttttttacag tatccaaaaa tagccctgca2520
aaaattcaga gtccttgcaa aattgtctaa aatgtcagtg tttgggaaat taaatccaat2580
aaaaacattt tgaagtgtgt aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa2640
40 aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa2700
agaaacaaca cacacacaca cacacactca taacagagct gctctgctcg ctctaaggcc2760
tctttgaggg aaggacagtt ccaaaaggca ctgaccggtg acatgggtgg gccctgcccc2820
tcctcaggca gccagctcag ccattggcct gtccaagggg tccacagacc agtaatcatc2880
atcccagcca aggaaccagc ccacaaagga gggaggctca aagccttgct tcaccagcgt2940
45 gatggggtc cgccgctccc gattggctgg gtccgtctcg atgtaccgct tagcagaagt3000
caaggcttct gtcttttctt cttcttgaga atcctttcca accagacaa agacctggtc3060
ccaggtgtcc agaagcatga cgtcatccgt tgccaggtct tcctgcatga gctcaccagg3120
aacctcttcg atcacaaaac gtccaatctt gttggagcag gcaaagaggc gaggaggatg3180
ggcatccatc ttcttgtcct tcagccgtgg ggatgtgcgg taggcagcct tcccggccag3240
50 ggcctcccag aagccatctg gctcgtgcct tctgtccacc tgacacaggtt gggccgcag3300
caccctgagc agctcctggg ccccgctctt ctctgcctcg ctggctcctg taccaccca3360
caggtaggcg gctgaggggg ttttcagaac aaaggcatcg ttggagttca gtgcaccagc3420
cttaggcaat acctcaacag cccgggtggc tccagcgtg ttggcgcgga cctggaagag3480
55 gcgggtgctg gcaggggctg tctgcccgcc ctgcggggag gtgcggccct tgtagatgat3540
catgggcttc ccaccaaaca ggctcatgag gtgggagggc tccttgctt ggaccacacg3600
gctctggaca ggggtacctc ccagctctc atccagctga gcagtcagga tggcagatgc3660
agcgacctca tctgggtag actgggcacc ctgccagtta tagattatct gcccttggcg3720
gccaccatgg cggtagtgt acagaatgat gtagctgtcg cctccataga actgtccata3780
60 tgtggcaggg tccacgggca ccttgttggg accttcgatt ctccagatct gtttctggcc3840
tgtgccatcg tcatccatgc cgtgctgggc ggccatggca gtggaggtgt gcagggggc3900
ggcgtcgaag ggcacccgct ccacgttggc gatattggct gaaaggtagg acaagccag3960
gccatctgtc tggcttgggt cccgctagtt cttgaagaac tgcttgaaca gtgggtctc4020
accgccccca ggaaggaccg agacctgagt ctgcttgggg tagtccatct tggtagtaa4080
65 gtcagaggct ggtttgaggg cagccttctc tctcctcgt gtttgcctgc ttgcctttcc4140
agacaaagat tttccctcga gccgaattcg gctcagcgg ctcgag 4186

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 100:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2042 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:100:

```

gtcggcgcta gacgccggcg cgcacgccag ccggggggcg gggcggggag gcggcactgc 60
ggtgaaagcc gaggcagcgg gcagacgagc agggggcggg cggacatcctt gggatccgga 120
gagtggccgg gccggcagag cagggggccg aggacaccag gtctgttctc agagcgatgg 180
gccgcggaga ctgatctgcc gccatgattg gaggttatt catctataat cacaaggggg 240
aggtgctcat ctcccgagtc taccgagatg acatcgggag gaacgcagtg gatgcctttc 300
gggtcaatgt tatccatgcc cggcagcagg tgcgcagccc gtcaccaaca ttgctcgcac 360
cagcttcttc cacgttaagc ggtccaacat ttggctggca gcagtcacca agcagaatgt 420
caacgctgcc atggtcttcg aattcctcta taagatgtgt gacgtgatgg ctgcctactt 480
tggcaagatc agcgaggaaa acatcaagaa caattttgtg ctcatatatg agctgctgga 540
tgagattcta gactttggct acccacagaa ttccgagaca ggcgcgctga aaaccttcat 600
cacgcagcag ggcacaaaga gtcagcatca gacaaaagaa gagcagtcac agatcaccag 660
ccaggttaact gggcagattg gctggcgggc agagggtatc aagtatcgtc ggaatgagct 720
cttccctgag gtgctggaga gctgtgaacct gctcatgtcc ccacaagggc aggtgctgag 780
tgcccatgtg tcgggcccgg tgggtgatgaa gagctacctg agtggcatgc ctgaatgcaa 840
gtttgggatg aatgacaaga ttgttattga aaagcagggc aaaggcacag ctgatgaaac 900
aagcaagagc gggaagcaat caattgccat tgatgactgc acctccacc agtgtgtgag 960
actcagcaag tttgactctg aacgcagcat cagctttatc ccgccagatg gagagtttga1020
gcttatgagg tatcgacaaa ccaaggacat catccttccc ttccgggtga tcccgcctagt1080
gcgagaagtg ggacgcacca aactggaggt caaggtggtc atcaagtcca actttaaac1140
ctcactgctg gctcagaaga tcgaggtgag gatcccaacc ccaactgaaca caagcgggg1200
gcaggtgatc tgcataaggg ggaaggccaa gtacaaggcc agcgagaatg ccatacgtgtg1260
gaagatcaag cgcattggcag gcatgaagga atcgagatc agcgagaga ttgagcttct1320
gacctacaac gacaagaaga aatgggctcg acccccatt tccatgaact ttgaggtgccc1380
attcgcgccc tctggcctca aggtgacgcta cttgaagggtg tttgaaccga agctgaacta1440
cagcgaccat gatgtcatca aatgggtgag ctacattggc cgagtggtga tttatgaaac1500
tcgctgctag ctgccactag gcagctagcc cacctcccca gccacctcc tccacagggtc1560
caggtgccgc tccctcccc accacacatc agtgtctcct cctcctgct ttgctgcctt1620
ccctttgcac cagcccgagt ctagggtctgg gccaaagcaca ttacaagtgg gaccggtgga1680
gcagcccttg ggtccctgg gcaggggagt tctgaggctc ctgctctccc atccacctgt1740
ctgtcctggc ctaatgccag gctctgagtt ctgtgaccaa agccaggtgg gttccctttc1800
cttcccaccc ctgtggccac agctctggag tgggaggggt ggttgccct cacctcagag1860

```

ctcccccaaa ggccagtaat ggatccccgg cctcagtcct tactctgctt tgggatatgtg1920
 tgagcttcat ttgtacacg tgtgacttcg tccagttaca aaccaataa actctgtaga1980
 gtggaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa2040
 5 aa 2042

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 101:

10

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 741 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

15

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

35

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:101:

40

cccttcccca cctttctcca gctctctccc actgggtccct cccctctcaa ctgctctggt 60
 tcttataaaa acctcacagc cttccactaa catcccgtag gagcctctct ccctactgct120
 gctacacaag accctgagac tgacctgcag gacgaaacca tgaagagcct gatccttctt180
 45 gccatcctgg ccgccttagc ggtagtaact ttgtgttatg aatcacatga aagcatggaa240
 tcttatgaac ttaatccctt cattaacagg agaaatgcaa ataccttcat atcccctcag300
 cagagatgga gagctaaagt ccaagagagg atccgagaac gctctaagcc tgtccacgag360
 ctcaataggg aagcctgtga tgactacaga ctttgcgaaac gctacgccat ggtttatgga420
 tacaatgctg cctataatcg ctacttcagg aagcgccgag ggaccaaag agactgaggg480
 50 aagaaaaaaa atctcttttt ttctggaggc tggcacctga ttttgtatcc ccctgtagca540
 gcattactga aatacatagg cttatataca atgcttcttt cctgtatatt ctcttgctctg600
 gctgcacccc tttttccgc cccagattg ataagtaatg aaagtgcact gcagtgaggg660
 tcaaaggaga gtcaacatat gtgattgttc cataataaac ttctggtgtg atactttcaa720
 55 aaaaaagaaa aaaagaagaa a 741

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 102:

60

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1644 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

65

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:102:

20

```

ctcgagccga atcggtctcg agcgccggac acctcagacg gacggggccag ggatcaggca 60
gcgggtcagg cgacctgag tgtgccccca ccccgccatg gcccggctgc tgcaggcgctc 120
ctgcctgctt tccctgctcc tggccggctt cgtctcgcag agccggggac aagagaagtc 180
gaagatggac tgccatggtg gcataagtgg caccatttac gactacggag cctcaccat 240
tgatggggag gactacatcc ccttcaagca gtatgctggc aaatacgtcc tctttgtcaa 300
cgtggccagc tactgaggcc tgacggggca gtacattgaa ctgaatgcac tacaggaaga 360
gcttgaccca ttcggtctgg tcattctggg ctttccctgc aaccaatttg gaaaacagga 420
accaggagag aactcagaga tccttcctac cctcaagtat gtccgaccag gtggaggctt 480
tgtcccta at ttccagctct ttgagaaagg ggatgtcaat ggagagaaag agcagaaatt 540
ctacactttc ctaaagaact cctgtcctcc cacctcggag ctctgggta catctgaccg 600
cctcttcttg gaacctatga aggttcacga catccgctgg aactttgaga agttcctggt 660
ggggccagat ggtataccca tcatgctgtg gcaccaccgg accacggtca gcaacgtcaa 720
gatggacatc ctgtcctaca tgaggcggca ggcagccctg ggggtcaaga ggaagtaact 780
gaagcccgtc tcatcccatg tccaccatgt agggggaggga ctttgttcag gaagaaatcc 840
gtgtctccaa ccacactatc taccatcac agaccccttt cctatcactc aaggccccag 900
cctggcacia atggatgcat acagtctgtg gtactgccag gcatgtgggt gtgggtgcat 960
gtgggtgttt acacacatgc ctacaggtat gcgtgattgt gtgtgtgcat ggggtgtacag 1020
ccacgtgtct acctatgtgt ctttctggga atgtgtacca tctgtgtgcc tgcagctgtg 1080
tagtgctgga cagtgcacac cctttctctc cagttctcca ctccaatgat aatagttcac 1140
ttacacctaa acccaaagga aaaaccagct ctagggtcaa ttgttctgct ctaactgata 1200
cctcaacctt gggggccagca tctccactg cctccaaata ttagtaacta tgactgacgt 1260
cccagaagt ttctgggtct accacactcc ccaaccccc actcctactt cctgaagggc 1320
cctcccaagg ctacatcccc accccacagt tctccctgag agagatcaac ctccctgaga 1380
tcaaccaagg cagatgtgac agcaagggcc acggacccca tggcaggggg ggcgtcttca 1440
tgagggaggg gcccaaagcc cttgtgggag gacctccct gagcctgtct gagggggccag 1500
cccttagtgc attcaggcta aggccctggt gcagggatgc caccctgct ccttcggagg 1560
acgtgccctc acccctcact ggtccactgg cttgagactc acccgtctg cccagtaaaa 1620
gcctttctgc agcagctgaa aaaa
1644

```

30

35

40

45

50

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 103:

55

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1341 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

65

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:103:

20 gagcgcgagcgc gcaacggcgcg cgacggccac gaccggcccg cgccccgcag gccgcgccgc 60
 gcccgcgccg ccatgggagc ggagggcctgc accaagtgc tcaagtacct gctcttcgctc 120
 ttcaatttcg tcttctggtc ggctggaggc gtgatcctgg gtgtggccct gtggctccgc 180
 catgacccgc agaccaccaa cctcctgtat ctggagctgg gagacaagcc cgcgcccac 240
 25 accttctatg taggcattca catcctcatc gctgtggcg ctgtcatgat gttcgttggc 300
 ttcttgggct gctacggggc catccaggaa tcccagtgc tgcggggac gttcttcacc 360
 tgctgtgca tctgtttgc ctgtgaggtg gccgcccgc tctggggctt tgtcaacaag 420
 gaccagatcg ccaaggatgt gaagcagttc tatgaccagg ccctacagca ggccgtggtg 480
 gatgatgacg ccaacaacgc caaggctgtg gtgaagacct tccacgagac gcttgactgc 540
 30 tgtggctcca gcacactgac tgccttgacc acctcagtgc tcaagaacaa tttgtgtccc 600
 tcgggcagca acatcatcag caacctcttc aaggaggact gccaccagaa gatcgatgac 660
 ctcttctccg ggaagctgta cctcatcggc attgctgcca tgcgtggtcg tgtgatcatg 720
 atcttcgaga tgatcctgag catggtgctg tgctgtggca tccggaacag ctccgtgtac 780
 tgaggccccc cagctctggc cacagggacc tctgcagtgc ccctaagtg acccgagac 840
 35 ttccgagggg gccatcaccc cctgtgtata taacgtttcc ggtattactc tgctacacgt 900
 agccttttta cttttggggt tttgtttttg ttctgaactt tctgtttacc ttttcagggc 960
 tgacgtcaca ttaggtggc gtgtatgagt ggagacgggc ctgggtcttg gggactggag 1020
 ggcaggggtc cttctgcctt ggggtcccag ggtgctctgc ctgctcagcc aggcctctcc 1080
 40 tgggagccac tcgcccagag actcagcttg gccaaacttg ggggctgtgt ccaccagcc 1140
 cgcccgctcct gtgggctgca cagctcacct tgttccctcc tgccccggtt cgagagccga 1200
 gtctgtgggc actctctgcc ttcatgcacc tgcctttct aacacgtcgc cttcaactgt 1260
 aatcacaaca tctgactcc gtcatttaaat aaagaaggaa catcaggcat gctaaaaggc 1320
 ctgtgcagtc cctcaaaaaa a 1341

45

50

55

60

65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 104:

- (A) LÄNGE: 725 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 104:

```

TKWDGANVAL KDSQVAQSD GEESPAAEEQ LLGEHIKEEK ESEFLPSSG GTFNISVSGD 60
IDGLITQALL TGNFESAVDL CLHDNRMADA IILAIAGGQE LLARTQKKYF AKSQSKITRL120
ITAVVMKNWK EIVESCDLKN WREALAAVLT YAKPDEFSAL CDLLGTRLEN EGDSLLQTQA180
CLCYICAGNV EKLVCWTKA QDGSHPLSLQ DLIEKVVILR KAVQLTQAMD TSTVGVLAA240
KMSQYANLLA AQGSIAAALA FLPDNTNQP NIMQLRDRLCR AQGEPVAGHE SPKIPYEKQQ300
LPKGRPGPVA GHQMPRVQT QQYYPHGENP PPPGFIMHGN VNPNAAGQLP TSPGHMHTQV360
PPYPQPQPYQ PAQPYPEGTG GSAMYRPQQP VAPPTSNAYP NTPYISSASS YTGQSQLYAA420
QHQAASSPTSS PATSFPPPPS SGASFQHG GPAPPSSSAYA LPPGTTGTLP AASELPASQR480
TENQSIQDQA PMLEGPQNGW NDPPALNRVP KKKKMPENFM PPVPITSPIM NPLGDPQSQM540
LQQQPSAPVP LSSQSSFPQP HLPGGQPFHG VQQPLGQTGM PPSFSKPNIE GAPGAPIGNT600
FQHVQSLPTK KITKKPIPDE HLILKTTFED LIQRCLSSAT DPQTKRKLDD ASKRLEFLYD660
KLREQTLSP ITSLHNIAR SIETRNYSEG LTMHTHIVST SNFSETSAFM PVLKVVLTQA720
NKLGV
725

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 105 :

- (A) LÄNGE: 476 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 105:

10 PTPAPAQRFR EGGSGAPEQA ECVELLALG EPAEELCEEF LAHARGRLEK ELRNLEAELG 60
PSPPAPDVLE FTDHGGSGFV GGLCQVAAAY QELFAAQGPA GAEKLAAFAR QLGSRYFALV120
ERRLAQEQQG GDNLLVRAL DRFHRRRLRAP GALLAAAGLA DAATEIVERV ARERLGHHQL180
GLRAAFLGCL TDVRQALAAP RVAGKEGPGI AELLANVASS ILSHIKASLA AVHLFTAKEV240
SFSNKPYFRG EFCSQGVREG LIVGVVHSMC QTAQSFCDSP GEKGGATPPA LLLLLSRLCL300
15 DYETATISYI LTLTDEQFLV QDQFPVTPVS TLCAEARETA RRLTHYVKV QGLVISQMLR360
KSVETRDWLS TLEPRNVRV MKRVVEDTTA IDVQVGLLYE EGVRKAQSSD SSKRTFSVYS420
SSRQQGRYAP SYTPSAPMDT NLLSNIQKLF SERIDVFSPV EFNKVSVLTG IIKDQP 476

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 106 :

(A) LÄNGE: 248 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 106:

45 QGRESLCQLS AAKGRGGRGP CPTVPAPAPE AEVQALRGPV QCEPDPSSSS SARWSSRPFP 60
CRCPPARRPRH AVSRLEFGRCA ADEQAAYVYQ VLNFGMIVSS ALMIWKGLMV ITGSESPIVV120
VLSGSMEPAF HRGDLFLTN RVEDPIRVGE IVVFRIEGRE IPIVHRVLKI HEKQNGHIK180
LTKGDNNVAVD DRGLYKQGQH WLEKKDQVGR ARGFVPYIGI VTILMNDYPK FKYAVLFLLG240
LFVLVHRE 248

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 107:

(A) LÄNGE: 288 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

55

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

65

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 107:

QDLLLQSAAQ DADSSSALPR SRRFTMVKIA FNTPTAVQKE EARQDVEALL SRTVRTQILT 60
 GKELRVATQE KEGSSGRCLM TLLGLSFILA GLIVGGACIY KYFMPKSTIY RGEMCFFDSE120
 DPANSLRGGE PNFLPVTEEA DIREDDNIAI IDVPVPSFSD SDPAAIHDF EKGMTAYLDL180
 LLGNCYLMPL NTSIVMPPKN LVELFGKLAS GRYLPQTYVV REDLVAVEEI RDVSNLGIFI240
 YQLCNRKSF RLRRDLLLG FNKRAIDKCW KIRHFPNEFI VETKICQE 288

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 108:

- (A) LÄNGE: 431 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 108:

TCVPARRPGL KLSCLQYYTG PSNATAGMET EGSCLENPKY YNYVGVLSLI ATIMLVQVSH 60
 MVKLTLMLLV AGAVATINLY AWRPVFDEYD HKRFREHDLV MVALEQMGGF NPGLNGTDRL120
 PLVPSKYSMT VMVFLMMLSF YYFSRHVEKL ARTLFLWKIE VHDQKERVYE MRRWNEALVT180
 NMLPEHVARH FLGSKKRDEE LYSQTYDEIG VMFASLPNFA DFYTEESINN GGIECLRFLN240
 EIISDFDSL DNPKEFRVITK IKTIGSTYMA ASGVTPDVNT NGFASSNKED KSERERWQHL300
 ADLADFALAM KDTLTNINNQ SFNNFMLRIG MNKGGVLAGV IGARKPHYDI WGNTVNVASR360
 MESTGVMGNI QVVEETQVIL REYGFRFVRR GPIFVKGKGE LLTFFLKGRD KLATFPNGPS420
 VTLPHQVVDN S 431

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 109:

- (A) LÄNGE: 201 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 109:



APRYQKAWPT LASQPAAGGI CHEGSASLAR PAGASFCCHF VERYGFMGVP GTCLCAFVAV 60
CVTLTVPMSH PRPTALRKHL VRTSPHPSCS PSQQRQRAI YTSRLAPGAL GGHCSCVCLLP120
5 GLAGLACGAF PGPAWVTRCC HSARSVLTHQ GRWGLVRDAS LRLFPTEGPE SGATCHPRLR180
LVTRPPHPVC VYVIVTLNSI H 201

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 110 :

- (A) LÄNGE: 138 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
15 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 110:

PLHGKISHPS PETDFRGKET RLLEDQPLLK KGLLRVSTA EQMAWGRQGS LGRGWEGGQR 60
PGRAPPSGGF GRCVPWCCHQ EPRGRGVGCD SPSLGPPELVI SILRDITHPG QGLVPTLLND120
35 LQVAHLDAGG SEVQGSRT 138

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 111:

- 40 (A) LÄNGE: 144 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

55 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 111:

60 VTASRDPGWP WEGATGEACE SREQADATVA PERARCQPRR VNGPLRALLG RKTRRVRRAP 60
HQVLPECRRRT WVGHDSEGN TNSNECTKTS SRNTHKPITF NKMATKRRPC WPGEAGASFV120
ADATCSWLAG KRWPSFLVPG SSTA 144

65 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 112 :

- (A) LÄNGE: 133 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 112:

20

HLGGLLGTRR VFPYSRRCPN RSAWLMLFAS FWIQGRKVLL FKLQLFHLVF FLFFPNLHRW 60
LFLKSTPFPV VEAAIPMAMV PCATSTTLAH AIMSGRAMP TRWVPCDSSI CSLRDTRVHR120
IMAEQGGGLVP RIS 133

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 113 :

(A) LÄNGE: 412 Aminosäuren

30

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 113:

GDSWHQPSLF RHDSVDSGVS KGAYAGITGN PSGWHSSSRG HDGMSQRSGG GTGNHRHWNG 60
SFHSRKGCAP QEKPPMEIRE EKKEDKVEKL QFEEEDFPSL NPEAGKQHQP CRPIGTPSGV120
WENPPSAKQP SKMLVIKKVS KEDPAAAFSA AFTSPGSHHA NGNKLSSVVP SVYKNLVPKP180
VPPPSKPNAP KANRMEHKSQ SLSSSRESAF TSPISVTKPV VLASGAALSS PKESPSSTTP240
PIEISSSRLT KLTRRTDRK SEFLKTLKDD RNGDFSENRO CDKLEDLEDN STPEPKENGE300
EGCHQNGLAL PVVEEGEVLS HSLEAEHRLD KAMGWQEYPE NDENCLPLTE DELKEFHMK360
EQLRRNGFGK NGFLQSRSSS LFSPWRSTCK AEFEDSDTET SSSETSDDDA WK 412

50

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 114:

60

(A) LÄNGE: 138 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

65



(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 114:

15

MLIVKSDPVN SVCLGSIQKK SFFSFSYVVE YFIHKGNNHI PKREQLACFA FVIVLPCYLL 60
YREKEFVWDR FFKHTHTH IHTQYIWGDA QVGAGSAGKR RHWSAATAST TSPWGTHPCD120
QAIIVNDKVT IEVIVLN 138

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 115 :

(A) LÄNGE: 116 Aminosäuren

25

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 115:

45

GGLSAHFQTG PLAPRGHGED PAIPPHPGIK SHPRSWTRPP RMRRMRTETS RCTSARAWPR 60
PGKWRCATLC STTPHCPRPC RPPAHLHCH DLEADRRPPA PRPRGPRGGA GPGASH 116

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 116 :

(A) LÄNGE: 212 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

55

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

60

(iii) HYPOTHETISCH: ja

65

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 116

PPFFFFRRS EMDFNWLLSL ELPTRSCALR FSMPPPVWGS KPNRRGAGDQ EVSWHKGSV 60
SLARGPRAW PRPSQHTAS KHVFSGLQA LPLPGGLEVG EQVGVCLPPG HGSAGGELGA120
GRGADSAWS NRGLRTSISP VGARPGHSYT VKSPSSFSSS EEAVSSSLGG SLCLGGGGSL180
GPPHALEVPV AQSGSGHSAH LSPGVAGEHS PG 212

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 117:

- (A) LÄNGE: 130 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 117

NYPPVPALYG SPCPLQFGGL NRTGEVQGTR RCPGTKVRGS PWQGVPGPGA RGPASTQHQ 60
NMFLVGSSRP CPSPGASRG SRWASVCLQV MAVQAVSWGP AGARTVRRGR TEGCAPPFPR120
SGPGPGTRTP 130

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 118:

- (A) LÄNGE: 112 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 118:

SSLWSLEPGK CVLVNLSKVG EYWWNAILEG EEPIDIDKIN KERSMATVDE EEQAVLDRLT 60
FDYHQKLQK PQSHELKVHE MLKKGWDAEG SPFRGQRFDP AMFNISPGAV QF 112

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 119 :

- 5 (A) LÄNGE: 149 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 119:

25 LQPRCKDEIM RQVLRPVFQV LTGALGAHRR EYGSAATGTV HLPVCQAQSM DKPHSRVHP 60
GTMHGQQESR PADAKRAYCQ GKVPAPAHSL WILGLWGLSW RVSLWFEVSGL QWWLTPLVRK120
HSWEVFCGSK HVAPIITGEQ KALDTPFGM 149

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 120 :

- 30 (A) LÄNGE: 146 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- 45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 120:

50 TRRASPNWAG SQEGQPRIRL CLPTGEGFLS FWSLKLHSPR GDVEHGRVES LASEGRTFSI 60
PPLLQHLMDF QLMALWLALQ LLVVVKGKPV QHRLFLLIHG GHGALLVDLV NVDGLFSLQD120
GVPPILAHLA QVHQNALPGL ETPERT 146

55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 121 :

- 60 (A) LÄNGE: 307 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

65 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 121:

RLDTLDRVVK PKTKRAXRFL EKREPKLNEN IKNAMLIKGG NANATVTKVL KDVYALKKPY 60
GVLYKKKNIT RPFEDQTSLE FFSKKSDCSL FMFGSHNKKR PNNLVIGRM DYHVLDMIEL120
GIENFVSLKD IKNSKCPEGT KPMLIFAGDD FDTVTDYRRL KSLIDFFRG PTVSNIRLAG180
LEYVLHFTAL NGKIYFRSYK LLLKKSGCRT PRIELEEMGP SLDLVLRRTH LASDDLYKLS240
MKMPKALKPK KKKKNISHDTF GTTYGRIHQ KQDLSKLQTR KMKGLKKRPA ERITEDHEKK300
SKRIKKN 307

5

10

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 122 :

(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 122:

SSKGLVIFFF LYSTPYGFFS AYTSLSFTVT VAFAPPLIS MAFLIFSLSF GSLFSRNLLA60
LFVLGFTTRS RVSNRYRYLQ LLTRGHARAL GDYVR 95

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 123 :

(A) LÄNGE: 123 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 123:

65

LTLTFLGGIK LRNDTGSQES GLFGWILNHN QEIVFIWCNH NFIFLGANSK EGEIVLGVDV 60
 THGAPCLQDE AVHEAGILGG GGVVHGALDG NAFCVHDDDS LHSLLALQSL QCLLHLCHFR120
 PIR 123

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 124 :

- (A) LÄNGE: 116 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 124:

RRKAQDSLVS RYAGLPDRSE MAEVEETLKR LQSQKGVQGI IVVNTEGIPI KSTMDNPTTT 60
 QYASLMHSFI LKARSTVRDI DPQNDLTFLR IRSKKNEIMV APDKDYFLIV IQNPTE 116

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 125:

- (A) LÄNGE: 111 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 125:

FRIQ2NKPLS WLPVSFLNLM FPKNVNVNHV SGLAHGSRLE PTHNPNVTVC GLAALLPHQR 60
 NPCVHQPSPE LRSALSSLPG FGARACRKPA PSFLLTFSSL CRPWRKLFFF N 111

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 126:

- (A) LÄNGE: 278 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 126:

SKREFLVSSCR KTWQRMDVML LDTWDQVFW V GKDSQEEK TEALTSKRY IETDPANRDR 60
RTAITVVKQG FEPPSEVGWF LGWDDYGSV VLKTPSAAYL WVG TGASEAE KTGAQELLRV120
LRAQPVQVAE GSEPDGFWEA LGGKAA YRTS PRLKDKKMDA HPPRLFACSN KIGRFVIEEV180
PGELMQEDLA TDDVMLLDTW DQVFVWVGKD SQEEKTEAL TSAKRYIETD PANRDRRTPI240
TVVKQGFEPF SFVGWFLGWD DDYWSVDPLD RAMAELAA 278

15

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 127 :

(A) LÄNGE: 233 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 127:

IFAGLFLOTV KKKRTNTHQ QSCSARSKAS LREGQFQKAL TGD MGGPCPS SGSQ LSHGPV 60
QGVHRPVIII PAKEPAHKGG RLKALLHHGD GRPPIPIGWV RLDVPLSR SQ GFCLFFF LRI120
LSNPD KDLVP GVQKH DVIRC QVFLHELTRN LFDHKTSNLV GAGKEARRMG IHLVLQPWG180
CAVGS LPAQG LPEAIWLAAF CHLHRLGPQH PEQLLGPRLL CLAGSCTHPQ VGG 233

45

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 128 :

(A) LÄNGE: 65 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

60

(iii) HYPOTHETISCH: ja

65

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 128:

TGNLALCIIS HVGKTSTLQL GFQYLAFIYF LAMTLTRFCQ VIKMRAFLRI TYSFRVEWQS60
ARRHI 65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 129:

- (A) LÄNGE: 146 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 129:

TTWMYFPPSL TELHLDGNKI SRVDAASLKG LNNLAKLGLS FNSISAVONG SLANTPHLRE 60
LHLDNNKLTR VPGGLAEHKY IQVVYLHNNN ISVVGSSDFC PPGHNTKKAS YSGVSLFSNP120
VQYWEIQPST FRCVYVRSAL QLGNYK 146

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 130:

- (A) LÄNGE: 118 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 130:

GVLAREPLST AEMLLKLNP LAKLFSFPERL AASTLLILLP SRCNSVREGG KYIQVVYLHN 60
WNISVVGSSD FCPGHNTHK ASYSGVSLFS NPVQYWEIQP STFRCVYVRS AIQLGNYK 118

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 131:

- (A) LÄNGE: 103 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 131:

20

DCPNVQNYII LTLKSCERVA AVSLAHCDFK PKEELLIKDA QPCDQEPNPT GHEETRRGRS 60
FIKRPFEGTFF PGPVFKGDRG ILGPLHLQLA TFGQSFSALG LCF 103

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 132:

25

- (A) LÄNGE: 79 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 132:

45

LTKCGQLQVK GPQYPPISLK HRAGKGGSKG PFYERPA PPS FLMASIWRF L ITGLGILDQE60
FLLGFEVTVG KADSSNPFT 79

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 133:

- (A) LÄNGE: 58 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

60

(iii) HYPOTHETISCH: ja

65

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 133

10 DCPNVQNYII LTLKSCERVA AVSLAHCDFK PKEELLIKMP NPVIRTSKYC HEKLEGRS 58:

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 134:

15 (A) LÄNGE: 58 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 134:

35 VDVLGHFEFL SNFLFSPSGG LKRWGNWSTV SLGLSQKTKK ILLLLRLPQC TELYNSNA 58

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 135:

40 (A) LÄNGE: 68 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 135:

60

PPSPNNRDRK GVQRPFYQDL PSSFSWQYLE VLITGLGILI KSSSLGLKSQ WARLTAATLS60
HDL SVRII 68

65 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 136 :

(A) LÄNGE: 235 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 136:

GSQGREGWEG QTLPRQSSHW TGHQTASOGL ALFPPTPTQ VEGEQLSPEP MLVKVSAQHG 60
 TNISGEPEGI QHWEQVEKGC VAGVTEPGFD GDGIVWMAV SPWGVQDHN AGEVTVDHRE120
 VLDVAAQLQS AVLSVISPLK NASAIVQFIC HSRAIDLHAC CKHHQLVPLA HHFQEEIHMG180
 PLMYKKPDRM FVYYHLEDEV RRRTRPDCGP QDPIMVGUNK CLIQIQHODL PLHLG 235

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 137:

(A) LÄNGE: 351 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 137:

FPFPGLGGP HPSPTCLGPQ PAPKPSVPLP AHVGPRGLPT PVPQLPVPLG FTLARGGFLS 60
 GPLRAPLCSV SCHSGPPCPV PAAGGCPRGA GGAGPRGPRG RRCRVIGMMR TQCLLGLRTF120
 VAFAAKLWSF FIYLLRRQIR TVIQYQTVRY DILPLSPVSR NRLAQVKRKI LVLDLDETII180
 HSHHDCVLRP TVRPGTPPDF ILKVVIDKHP VRFFVHKRPH VOFFLEVVSQ WYELVVFTAS240
 MEIYGSVAD KLDNSRSILK RRYRQHCTL ELGSYIKDLS VVHSDLSSIV ILDNSPGAYR300
 SHPDNAIPIK SWFSDPSDTA LLNLLPMLDA LRFTADVRSV LSRNLHQHRL W 351

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 138:

(A) LÄNGE: 62 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 138:

15 KHTPLLSPIL HFQFRLTQGL FFLCGSSTCM CPPVNETGTC TLVFLTPKIN LQIRPSSFLF60
PS 62

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 139 :

20 (A) LÄNGE: 63 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 139:

40 CHEGNRKLLG LICKLIFGVR KTSVHVPEVSL TGGHMQVEEP QRKKRPCVRR NWKCKMGERS60
GVC 63

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 140:

45 (A) LÄNGE: 141 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

55 (iii) HYPOTHETISCH: ja

60 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

65 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 140:

AASSAVMGLI ETTRGLPGA GGTQRLPRCL GVALAKELIF TGRRLSGTEA HVLGLVNHAV 60
AQNEEGDAAY QRARALAEI LPQAPIAVRL GKVAIDRGTE VDIASGMAIE GMCYAQNIPT120
RDRLEGMAAF REKRTPKFVG K 141

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 141:

- (A) LÄNGE: 132 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 141:

GVSENRVSLD ILQSATVLGF QPKAKLRQGR AQRVLRQKLL PLLVQPLAAV VSVTCQNLLP 60
SFWEYLTNLR AIAVTSQGGQ RAMSSLPILS KSDLSTMFRK KVSLRDSLSM AELITKVPQG120
EYWHQPNLHY LF 132

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 142:

- (A) LÄNGE: 128 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 142:

PVPQWNILGI AHPFNHGPC NVHLRSSVNG YFAQPHGNGG LGQDLLGQCS CPLVGGVPLL 60
VLGHSVIHQF QYVGLSSTQS SAREDELLRQ GHPQTTGQPL SPSCPREEPS RGLNQSHDCR120
GSCSDRTK 128

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 143 :

- (A) LÄNGE: 199 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 143:

20

ASRAPSAGPE RPSRSPLRGT WRQNGCPRET GGAQGREAPG PAGGGGGGSR WAESGSGTSP 60
ESGDEEVSGA GSSPVSGGVN LFANDGSFLE LFKRKMEEEQ RQRQEPPPG PQRPDQSAAA120
AGPGDPKRRG GPGSTLSFVG KRRGGNKLAL KTGIVAKKQK TEDEVLTSG DAWAKYMAEV180
KKYKAHQCGD DDKTRPLVK 199

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 144:

(A) LÄNGE: 147 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 144:

50

FVPASAFaHE AKCGARTALP LRIFGASGGG RLVGSLRTRG RLLPLPLLL LHLPLEQLQE 60
AAVVGEQVHA ARHRARTRAR HLLVPALGRR PRSRLSPTAP ATATARGARS LPALSSARLP120
RAAILSPGAA QRTPGRPLRP RAWRPTR 147

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 145:

55

(A) LÄNGE: 151 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 145:

ALYFFTSAMY LAHASPLLVN TSSSVFCFLA TIPVLRASLF PPLRLPTKLS VEPGPPFLFG 60
SPGPAAAADW SGRCGPGGGS SCRCRCSSSI FRLNSSRKLP SLANKFTPPD TGLEPAPDTS120
SSELSGDVDPD PDSAQRLPPP PPPAGPGASR P 151

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 146:

(A) LÄNGE: 207 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 146:

PSLRIHHSLEF GDVKKLITDE FVKQKYLDYA RVPNSNPPEY EFFWGLRSYY ETSKMKVLKF 60
ACKVQKKDPK EWAAQYREAM EADLKAAAEA AAEAKARAEI RARMGIGLGS ENAAGPCNWD120
EADIGPWAKA RIQAGAEAKA KAQESGSAST GASTSTNNSA SASASTSGGF SAGASLTATL180
TFGLFAGLGG AGASTSGSSG ACGFSYK 207<

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 147 :

(A) LÄNGE: 166 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 147:

ERASKLVKYL LVKDQTKIPI KRSDMLROVI QEYDEYFPEI IERASYTLEK MFRVNLKEID 60
KQSSLYILIS TQESSAGILG TTKDTPKLGL LMVILSVIFM NGNKASEAVI WEVLRKLGLR120

LGYDLGSLSA CCPCCPLARE DGPRIASVWW SGGAGGVLDW VEGPGF

166

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 148:

- (A) LÄNGE: 212 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- 10 (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 148:

30 RERLAGLTIS KISLVGETTG TRAATGAGTS STKASEEPC ESQQAGTST EATTGAGTGT 60
GTVIGTGTGT SAGTATLLGF GFSFCSRLDP GFGPGSDISF VPVAGPGSIL RAEPNAHSSS120
NLGPSLGFSC SLCSLQIRF HRLSVLSCPF LGILLLYLAG KLEDFHLAGL IVRAQAPEEL180
IFRGIAIGDS GIVQVLLHK LISDELLHVP KE 212

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 149:

- (A) LÄNGE: 245 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- 40 (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

55 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 149:

60 AFLEPAPGHR QHAPASRLRE STQLPRPFTS TAAAGMAASV EQREGTIQVQ GQALFFREAL 60
PGSGQARFSV LLLHGIRFSS ETWQNLGTLH RLAQAGYRAV AIDLPGLGHS KEAAPAPIG120
ELAPGSFLAA VVDALELGPP VVISPSLSGM YSLPFLTAPG SQLPGFVPVA PICTDKINAA180
NYASVKTAL IVYGDQDPMG QTSFEHLKQL PNHRVLMKG AGHPCYLDKP EEWHTGLLDF240
LQGLQ 245

65 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 150:

(A) LÄNGE: 141 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 150:

RSSSRPQVTA STRLLPVCAS PRSSPGPSPA QQQQAWQQAW SSARAPSRCR ARPSSSERPC 60
PAVGRLASLY CCCMVFFASPP RRGRTWVHCT GWRLATGLW PLTCQVWGTP RKQQPLPLLG120
SWPLAASWRL WWPWSWAPR L 141

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 151:

- (A) LÄNGE: 145 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 151:

WTDHNRGAQL QGIHHSRQEA ARGQLPNRGR GCCFLGVPQT WQVNGHSPVA SLGQPVQCTQ 60
VLPGLGGEAN TMQQQYREAS LPTAGQGLSE EEGLALHLDG ALALLHACCH ACCCCAGEGP120
GELRGLAQTG SRRVLAVTWG RLEER 145

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 152:

- (A) LÄNGE: 58 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 152:

IVLARNTNEF LSFLFPVALD ILIVLKELKY IFWPLEYCQR QKMEVSYSFH FCLLGSL 58

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 153:

- (A) LÄNGE: 55 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 153:

35 ATEGIPGDKS GMNKKQTSFA SGSTQGARRC TSKTLRQLKC QVPQGREMIT RNLYF 55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 154:

- (A) LÄNGE: 61 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

55 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 154:

60 YYLTQLHNTK TNTNKKGLGS WASFTFFPLF VSFFYLISPK GSRCLDIQSA VERKEGKKTP60
N 61

65 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 155:

(A) LÄNGE: 48 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 155:

TTEMDLIHKL MCESLDKSRD SSFVKIKCTV EYEVTNHVAF PSTNTYIH

48

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 156:

(A) LÄNGE: 49 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 156:

QMNCYPFYLR THTSICVLNP SLWSTQGFDP DFTSLLLASV SYSVPOHFS

49

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 157:

50

(A) LÄNGE: 118 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

60

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

65

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 157:

FFFFFFFF LGRSLGFIRS VGTlFRSEAP PSHGVGDSSG RGNPSEHPGG CVVSMYFALP 60
HLFHGVPCQG QALICGEGSK QRRRPFRGGE RAVAPRTSP AHDIPEKETK IKPRGLST 118

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 158:

- 15 (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 158:

35 FFFFFFFFF GKKPWLYSLC GDTVPRGPS QPWGGGQWWA WESQRASWRV RRLHVFCSSP60
SFPWGPLPGS STNMW 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 159:

40

- (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
45 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

55

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

60 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 159:

NKAFGPFFYVG APLKYGMVVG REAVAQQSLs PDYQLWGGFQ GARSRLGSSS HRHVGGGRKY60
LQGGTVSEEQ DGRGFSACYG ILFKEMGVKP GTVAHA 96

65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 160:

- (A) LÄNGE: 169 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 160:

20

GWGVWQAGLD PVLGPPSSAV PSLLLGVVSM VWPHLQLCLS AVPLASSSLN SAAWSPVSSR 60
ARQGWGGWCW QQLLSWCDLS GLHLRGRNGP GYRGQIHPGW SPRPFGLGAA GGRWLLVGRW120
PSClACLpCL SSSPNALSVS AFLAPGLSTP SAYKAVSPPQ TTVWLQPIR 169

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 161:

(A) LÄNGE: Aminosäuren

30

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 161:

ILQLGHQFPL VPARAGAVGV GSSFSLGATF PASTSEVGMG QAIEVRFIQA GVLVLRAWGL 60
LGGAGCWEG GHRALVFPA SLLELTLCLS LLSWPRASPL PQLIRLCLLL RPQSGSSPSG120

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 162:

55

(A) LÄNGE: 169 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 162:

10

SHIPGPKSVN TKHVRQCQHL PPASQAAVPE GKGSLOPSAF IRAAAPROQY WEPLSSPRIN 60
SEASDPADLN HQGACQRRGS DSAGQASRLY KFQKAGLHSD LFQQLLPARE APSETQRLHN120
THHVPGWCSG SPYQEEAPPC EGGGPEGGPR KPDQEPGNQV QDLPGHARV 169

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 163:

(A) LÄNGE: 135 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 163:

40

IIREPVRGGA VTLRDKQAGY ISFRRLGSTQ IFSSSCCLPE RRLQRPSAYT IPTMSQAGAQ 60
EAPIKKKRPP VKEEDLKGAR GNLTKNQEI SKTYQVMREC EQAGSAAPSV FSRTTGTET120
VFEKPKAGPT KSVFG 135

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 164:

45

(A) LÄNGE: 209 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

55

(iii) HYPOTHETISCH: ja

60

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 164:

65

PAWTVGEGGS PRDSRGEEAF WHKKEFLGKA PVSEHSGSKG SGAHFAEDT LGGSGFGLLK 60

DSLGTGAGAA EHRRGGRASL LTLSHDLVGL GLDFLVLGQV SSGPLQVLLL HRGALLLDRG120
 FLSTSLGHGG YCVSAGSLKA PLWQAAAAGK DLSGAQPSSET YIACLLVPQS HCPSSDRLPD180
 DSGPQGRWLQ SLFSEMRGAP STAAWGLQP 209

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 165:

- (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 165:

EKYEELRRKK KKKKRTNNLN CLLQNVGHFM LREEFQGMAM ECTSMWADEFQ QTLFPLFKEL60
 VDYCHSLHNP VGSSDPYKLE NIIFCLLMIQ LMPYSS 96

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 166:

- (A) LÄNGE: 103 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 166:

EKVPQRQNHN MSRRNKKLLD IPGSFLYDSG LQVKFLSLSS EEFELIPAKY FNLFITASSP 60
 IPFLGKGMLG LGPKLLAGGG AMCHSITDGC KCFTEQGSGL QQL 103

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 167 :

- (A) LÄNGE: 84 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 167:

ENSRHPRQLQN QTNRSRRALR SCRTKAWRRS GPRDPKMRH GVGPAFRVVR KMAASGAERR60
SWYNTWCYER IYHKLRSPGR RAHW 84

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 168:

25 (A) LÄNGE: 142 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO168:

45 SQDAPGSRSG LSGGQEDGGL WGGQVLVQY LVLKDLQA PFSWPAGALV AQACHAATAA 60
LHTRDHPHT AAYLQELGRM RKVVLEAPDE TTLKELAETL QQKNIDHMLW LEQPENIATC120
IALRPYPKEE VGQYLKKFRL EK 142

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 169:

55 (A) LÄNGE: 145 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

60

(iii) HYPOTHETISCH: ja

65 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 169:

TIGTSSNTGP LLPWGRAGEQ YKWRYSLVAQ ATACGQCSSV AGSRPAPLGW SHLGPRGPLC 60
ACAPALGGKR LCAGGRGECA RPRWPRDKPA LPVRPPARRT ELVIDPFVTP SIVPGPALRP120
RGRHLPDHPK GRTYSPVHLG IRAGP 145

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 170:

10

- (A) LÄNGE: 147 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 170:

30

DPQGPGTAAAP RALGLPPRCE PVGAPLAALA LARERRERGR FPRPCKCLFF NSSQCELCCE 60
CVRGGAPALS RRRVATPCPC PMVCNSDFAH RSTVPPSAHP FTLTPTLSLN TFIIVRRGRW120
DFGRSAAATA SGGILIFIFAL RWLKAFI 147

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 171:

- (A) LÄNGE: 147 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

55

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 171:

60

INAFSHRNAK ININPPDAVA AALRPKSQRP RLTIKVFSE SVGVSVNGCA LGGTVERCAK 60
SELQTIGQGH GVATRRRLSA GAPPRTHSQQ SSHWEELKNK HLQGRGKRPR SRRSRARASA120
ARGAPTGSQR GGSPSARGAA VFGPCGS 147

65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 172:

- 5 (A) LÄNGE: 38 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 172:

30

ISSIAMAEGI YLTIFLPGYV CEAPERRQIK SIYHSTK

38

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 173:

35

- (A) LÄNGE: 38 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 173:

55

LYCANILTLE VSFQEPHRI QVKRSLNKCL QPSQLRIS

38

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 174:

60

- (A) LÄNGE: 116 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

65

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 174:

SWPFNPTRAL PCSSTSKGSW PLIRICPPET PPDTAGPGDA VLCTGNRHC QISTLLPLGR 60
LGASCSDSQS GEMTLTLLES WWQAAVHGGE VSALDWTEER LLPWGHTAK LLPPLH 116

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 175:

(A) LÄNGE: 109 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 175:

NCSQGQQLAT FSSDWEIQED SRLMCSSVQK ALFEEEDHVK KLOQKVATLE KRNRLRERV 60
KKVKRSLRQA RKKGRHLELA NQKLSEKLAA GALPHINARG PVRPPYLRG 109

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 176:

40

(A) LÄNGE: 135 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

55

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 176:

60

LHVRNLTHSQ LPPGLALHTW QPPGPLPPQV GGAHGPPGVD VRQRARRQLL TEFLVRQLQV 60
AALLTRLPOG PLDLLSLPE LPVALLQGGH FLLQFLDVVL LLKQGLLHRG AHEPTVFLOF120
PVTGESRQLL PLRTV 135

65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 177:

- 5 (A) LÄNGE: 42 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
 20 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 177:

25 FFFFLSFLDD SIAVKFENAL GLEAAKMQUEE EYLSVERAIR LC

42

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 178:

- 30 (A) LÄNGE: 74 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
 45 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 178:

50 KRCHKYNRKR KGQYKYSFVI LLFYDKINQL YQHSIALST DRYSSSCILA ASNPSAFSNL60
 TAMESSRKLK KKKK 74

55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 179:

- 60 (A) LÄNGE: 68 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

65 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 179:	5
HPLRHSLCVL KPCECALSPG SLLLLLTLVL LTSKSLEGRT ESKFGIVENK CRFLSRNHCE60	
GAVYCRML	68 10
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 180:	
(A) LÄNGE: 63 Aminosäuren	15
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	20
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	25
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	30
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 180:	35
LQPRDRGPLD MAPRRQNLFK MNGESVERV GVGYIGTLGR HPCMPPFFFF LPVKTQGLLV60	
NAE	63
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 181:	40
(A) LÄNGE: 138 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	45
(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	50
(iii) HYPOTHETISCH: ja	
(vi) HERKUNFT:	55
(A) ORGANISMUS: MENSCH	
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 181:	60
NSAFTRRPCV FTGRKKKKGG IQGCLPKVPI YPTPTLSTDS PFPILNKFCL LGAISRGPLS 60	
LGCNYNLQGS ADLLFSLFP ATLSYICTV PTPYYLFIDK LIVITFYNTL LPHNDFYSRT120	
CIYFLLSQIY SQFFPQDF	138 65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 182:

- 5 (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja
 15

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 20 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 182:

25 SLDNKKISRA RHSGHTCNLS SHDHTNALQP VKQSETLSIQ KKKKEKKEKI SYIYPCNFHF60
 LFSSFFFPSPG VTSFLPDDFL 80

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 183:
 30

- (A) LÄNGE: 82 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 45 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 183:

50 MESGMFFAGF SYCKLWQIQG SLHLLFISYA SKSKTFLYQD NLEEKKGKG KEKAEGTNKS60
 NWQKLSIIIVY TLNYINNHII CK 82

55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 184:

- (A) LÄNGE: 77 Aminosäuren
 60 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

65 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 184:

NRVRLCLYRK IKKKRKKRSH IFTHVIFISC FLHSSFHLVS LPFCLTTSEN VFYSSGLQDS60
LSFVCLFLFL KDIFTVY 77

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 185:

(A) LÄNGE: 212 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 185:

RNEQNTRTHI HPHLMRTHV LCYHWPCKRE SQDSRAWTWG KGLLWDSAPQ PLGGPRVWGQ 60
DWVSALTHRI SPGPKEKKS GRRSRQGWV TKVGVRLKSG SETRFDHTTH PSVPPGQHAP120
LEPLHRLIRT RQNLTLNLL RAVYRGITLV QEGCPSCFHT TTGPTIPLLA SLRRPRDPQK180
PGEKESWPLV STAFRATGGD AQMTWVKGLS QT 212

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 186:

(A) LÄNGE: 142 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 186:

SHTMHCKETK QLYRSGDASV YNTFMSRIRS IHQDLYTVAA AIGTMIQNIK YISIIYINTQL 60
GWGRMLGDLV SPAEGLGGRE GGGKGFLTFV LNDGSEGRRE MGKHSHTLM CSHTHAQTKH120
RHRVSNLSLT LIGKQAWDIP LQ 142

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 187:

- 10 (A) LÄNGE: 144 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 187:

30 TEVLQHFGHL RTEGPRGTDL PEAPTLPLWV NHFSPGLSLR LHQLVGLQAS PPDSPHCWAT 60
LNLKFHCPAP PTPTPKFPKE MSKTHAHTYI HTCTCAHTSC VTTGQGNASL RIPGPGPGVK120
GCSGTLPPNL LEDPECGGRI GCLP 144

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 188:

- 40 (A) LÄNGE: 218 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 50 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

55 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 188:

60 FRPWTLDLVD EGHWPGRVVF GRRRLAWVP TGCLTSSCSL ELGCVGQGLC CHSRNRFSSV 60
GLFFLHPGLK WMPDANPSSG HVQFAGQPRG SLSSRAKDSR LPFSLAFL LCPAVAAGEAA120
AAGGRRSCLS APPCPTPAPA LEIWSPLELS WTGGQLRACA LNAALSRGRE QDGEWKESPP180
GFVNCKKGPFF QDDTRNRARA LAQSLGACLF FIIVFKSL 218

65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 189:

- (A) LÄNGE: 138 Aminosäuren
(B) TYP: Protein

- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 189:

PAVNLRATR ASAQSPRGQL QDSERNVNFR KTNHFSHKCS KYCVGHINAR KLSFVYLKFA 60
FNSALCFGFA KSGQPWPQKS VGGGLRKERE VVSTEGIEGR EGITQPKRKK RLSPHRNDIL120
FKKKIVLQKY SALAFLSC 138

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 190:

25

- (A) LÄNGE: 140 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 190:

45

QHSPCPTQPK CREHDEVQRQ VGTHASPLRP PKTRGPGQCP SSTRSRVHGL NQGSWLPLRR 60
RVKGHSGVGA GRCSQELPV ATHCPPHTRI MKENSLSGCL ETAARALSGP RKAGCAPPGC120
LSAAGEGAHV PCGVAAHAAG 140

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 191:

- (A) LÄNGE: 88 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

60

(iii) HYPOTHETISCH: ja

65

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 191:

10

GTSYLPKFTL VYLFTERLNC HLAHSHKCV LYFKKNMPRF CLSVDSTFTS IKNSNLTKLD60
FHYKAAVFQS SMLTYMYIKI IAYLLIYK 88

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 192:

(A) LÄNGE: 78 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 192:

LGIFLHQYVI FNQNVKFLN SLPAIVIVPS WPTWEPDVVN NINASAVGPL LRCLRRNFVL60
AISINFVFYL QFGRKVT 78

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 193:

(A) LÄNGE: 76 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

60 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 193:

65 NTKLMDMAKT KFLRRHLSKG PTADALMLFT TSGNQVGHDG TITMAGNEFN KNFTFWLKIT60
YWCKKIPNQI KSYCFD 76

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 194:

- (A) LÄNGE: 29 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 194:

SLLSQGFACK HSNCFEFHFA FSKLEVND

29

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 195:

- (A) LÄNGE: 51 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 195:

VQLWHQSWSP QQTHHTFILK TQYILLQVKI YKSSFKEHPE QCPSRIVYSV C

51

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 196:

- (A) LÄNGE: 30 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

60

(iii) HYPOTHETISCH: ja

65

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 196:

10 AIMASVMVPT TDPSEHTQN TVYPFASKNI

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 197:

- 15 (A) LÄNGE: 63 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 197:

35 GYFSCLTFSK ALLSLGLTLG GTRCFQLCCL WPRSPSWHPQ AVGVSGELPA LLLNISSPQG60
QPY 63

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 198:

40

- (A) LÄNGE: 46 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 198:

60

HFPKLCYHSW GHWEPAASS YAACGLGVPR GILRLWVYPE SCLHYF

46

65 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 199:

(A) LÄNGE: 61 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 199:

20

GCHGELLGHK QHSWKQRVPP SVPRSDNRAL ENVRQEKYPQ AYPSLGYICL CLCLTCPAQD60
V 61

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 200:

25

(A) LÄNGE: 177 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 200:

45

SRSNTPSCVL SFPDTAYLDG VSLPDFELLS DPEDEHLCAN LMQLLQESLA QARLGSRRA 60
RLLMPSQLVS QVGKELLRLA YSEPCGLRGA LLDVCVEQ GK SCHSVGQLAL DPSLVPTFQL120
TLVLRLODRL WPKIQGLFSS ANSPFLPGFS QSLTLSTGFR VIKKKLYSSE QLLIEEC 177

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 201:

(A) LÄNGE: 123 Aminosäuren

55

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

65

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 201:

GGGGGIVFPR KLIELCAGGC ALGTHTPQYC SMKQRLRGQQ GFQLDVCVAC TLLFLLLTVN 60
10 SGVTSREQLG CSRPSLAQGE GRGTCSEQP EGGGRSEVVE VVCVSYWSEG TKCVCCFLCI120
LFF 123

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 202:

15

(A) LÄNGE: 119 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 202:

35

SPPQKFSRLC LGGHCRFPQV EVQHSSMSSC SELYSFFLMT RKPVLSSVRDW LKPGRKGELA 60
ELNSPWILGQ SRESRRSTRV SWKVGTRLGS SASWPTLWQL LPCSTQTSSS APRRPHGSL 119

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 203:

(A) LÄNGE: 142 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
45 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

55

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 203:

60

YISLCYHAWG RKRMAPECHP HLTSPEAPRL CPEHVLASRE SRSSHCVDRK RKSPGEGWEG 60
65 MKLPGVGVG AVACGPGILK RKKSSNTSVL SGEKTTALHI LVPNGYSPP LSGVLWSFLI120
PFTRWSNSHV RELSSLLSKH IR 142

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 204:

- (A) LÄNGE: 98 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 204:

LHSLPPLPRT LTFSVHAMTG TGFERSKHML WAEAGCFRGG QVGVAFWGHA FSSPCVVTQG60
 NVLTVKENS K AGHTGRARLA LLSPVLCKDG VGRGDSRD 98

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 205:

- (A) LÄNGE: 115 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 205:

50

KKNSSLPSP L TPASAPIMKA FSPLSTLKAK IKQNP KCDNI SDLKGGKKVS LNEASHGSKM 60
 ALFLCWGSTT FHGSHLCCAH LICLDNKELR KRTCELLHRV NGIRKLQRTP ESGGE 115

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 206:

55

- (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 206:

10 APVRVPALCP RGVVSSAPVP GLLILGPASS RSARLLFPAL CEAEKEEQPV QNPRRTGKGG60
EISTWKNSTV KMKEWLQTK E RWMKNSHKT RESQK 95

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 207:

15

(A) LÄNGE: 118 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 207

35

KGGATCPESP QDRKRRGNLD MEKLYSENEG MASNQGKMEN EEQPQDERKP EVTCTLEDKK 60
LENEGKTENK GKTGDEEMLK DKGKPESEGE AKEGKSEREG ESEMEEVERE GTRGRGSG 118

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 208:

(A) LÄNGE: 138 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

55

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 208:

60

RFPYLGFPPLS RPPPSLTLP SLTFLLPLP HSLAFLYPLT FPHLLFCPCF LSFPRFLTSC 60
LPEYKLLLA F SRLVAVLHFP SFLGLKPFLH FHCRVFPCRD FPSFSCPAGI LDRLLLLFSF120
65 AERWEQQTRR PGRSWTKN 138

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 209:

- (A) LÄNGE: 66 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 209:

RDARINYGST FFPLLFLSQL SLLFWVPLRI NGCKVFSCAF ILCHSIGRRC NGRIASCWGF60
SFKHCK 66

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 210:

- (A) LÄNGE: 101 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 210:

50

HRQHSPLFRP STCIVKITAY PPQISSIHCS CYARMCPKSC FNFFFLNVIM FWMIPQGL 60
FFIYYHYILY YIIYFLLSYN FGGKSNLGII KIVLKRSKFS S 101

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 211:

- (A) LÄNGE: 100 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 211:

15 TLQVTEKPTQ LDCIFEVHVMV AISLAVFEGK PPTRCYS AVT PPSNRMTQNK GTGKYLT SIN 60
PKWDPKQKRQ LAQE QEGKKG TAIIDPSIPS WLQCVTLTFQ 100

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 212:

20

(A) LÄNGE: 51 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 212:

40 CFPAQEPQGR IAMAPSRNGM VLKPHFHNPN KIRRRKARQA KARRIARAPR R 51

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 213:

45

(A) LÄNGE: 51 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

60

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 213:

65

PTRGAGDAAR LGLPGLTSAD LRVVVEVGLQ DHAIPAGRHG YTALRLLRRK T 51

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 214:

- (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 214:

RRGARAMRRA LACRALRLRI LGLLWKWGFK TMPFRLGAMA IRPCGSCAGK

50

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 215:

- (A) LÄNGE: 234 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 215:

NRHFEIIWNL NCWIIWSTI LILPFYFPRR IINKHTDESL GDCSFLNTCF HMDTCKYVHY 60
 EIDACMDSEA PGSKDHTPSQ ELALTQSVGG DSSADRLFPF QWICCDIRYL DVSILGKFAV120
 VMADPPWDIH MELPYGTLTD DEMRRLNIPV LQDDGFLFLW VTGRAMELGR ECLNLWGYER180
 VDEIIWVKTN QLQRIIRTGR TGHWLNHGKE HCLVSSSGAQ FNRWSTKKNH LISY 234

50

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 216:

- (A) LÄNGE: 117 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 216:

YQQKCGSFGG LGSTYLSYDH ITIQTLEAL GISFDTNLLT TDNRLPYETT PLNFFSVRNQ 60
15 MILLCAPPIE LGPTAAHQAV FLPMVQPVTC TACPNDALQL ICLHPNNFIY PFIPPEV 117

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 217:

20

(A) LÄNGE: 110 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 217:

40 YGYVEPAHLI ICQGPFGQFH VNIPGWVSHH NCKLAQDQDV QVADITTDPL RWEESVCTGI 60
TSDTLCKSKL LAWRVVFAAR GLRIHASINF IVNILAGIHV ETCIKERAVT 110

45

Patentansprüche

1. Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert, umfassend
 - a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq ID No. 1-103.
 - b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäuresequenzen oder
 - 50 c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.
2. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq ID Nos. 1-103, oder eine komplementäre oder allelische Variante davon.
3. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 103, dadurch gekennzeichnet, daß sie in Ovarnormalge-
55 webe erhöht exprimiert sind.
4. BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 1 bis Seq. ID No. 103, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.
5. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 90%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
- 60 6. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 95%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
7. Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6 genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe daß sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 6 hybridisieren.
- 65 8. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp aufweist.
9. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp aufweist.

10. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodiert.
11. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz.
12. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 11, worin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geeigneter Promotor ist. 5
13. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 11 und 12, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kassette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.
14. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 10 zur Herstellung von Vollängen-Genen. 10
15. Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 14 erhältlich ist.
16. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10.
17. Wirtszelle gemäß Anspruch 16, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zellsystem ist. 15
18. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 16 oder 17, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsystem E. coli und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.
19. Ein Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids oder eines Fragments, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirtszellen gemäß den Ansprüchen 16 bis 18 kultiviert werden. 20
20. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist, welches von den Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 103 kodiert wird, das gemäß Anspruch 19 erhältlich ist.
21. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.
22. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20 dadurch gekennzeichnet, daß er ein Phage-Display-Antikörper ist.
23. Polypeptid-Teilsequenzen, gemäß den Sequenzen Seq. ID Nos. ORF 104-217. 25
24. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
25. Ein aus einem Phage-Display hervorgegangenes Polypeptid, welches an die Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 24 binden kann.
26. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 90%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
27. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 104 bis 217, als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen das Ovarialkarzinom. 30
28. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 103 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen das Ovarialkarzinom verwendet werden können.
29. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 103 in sense oder antisense Form. 35
30. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 104 bis Seq. ID No. 217 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Ovarialkarzinom.
31. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 104 bis Seq. ID No. 217, zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen das Ovarialkarzinom.
32. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No. 104 bis Seq. ID No. 217. 40
33. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist.
34. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist.
35. Genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 103. 45
36. Verwendung der genomischen Gene gemäß Anspruch 33, zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.
37. Verwendung gemäß Anspruch 34, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/oder Enhancer ist.
38. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 300 bis 3500 bp aufweist. 50
39. Eine Nukleinsäuresequenz gemäß einer der Sequenzen Seq ID Nos. 1, 2, 4, 8, 9, 21, 24, 26, 29, 30, 31, 36, 40, 42, 51, 53, 60, 68, 72, 73, 75, 78, 80, 81, 82, 87, 89, und 100, dadurch gekennzeichnet, daß sie in Ovarnormalgewebe und gleichzeitig in Pankreastumorgewebe erhöht exprimiert sind.
40. Eine Nukleinsäuresequenz gemäß einer der Sequenzen Seq ID Nos. 5, 46, 49, 56, 61 und 77, dadurch gekennzeichnet, daß sie in Ovarnormalgewebe und gleichzeitig in Penistumorgewebe erhöht exprimiert sind. 55
41. Eine Nukleinsäuresequenz Seq ID No. 44, dadurch gekennzeichnet, daß sie in Ovarnormalgewebe und gleichzeitig in Nierentumorgewebe erhöht exprimiert sind.

Hierzu 10 Seite(n) Zeichnungen

60

65

→

→

- Leerseite -



Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank

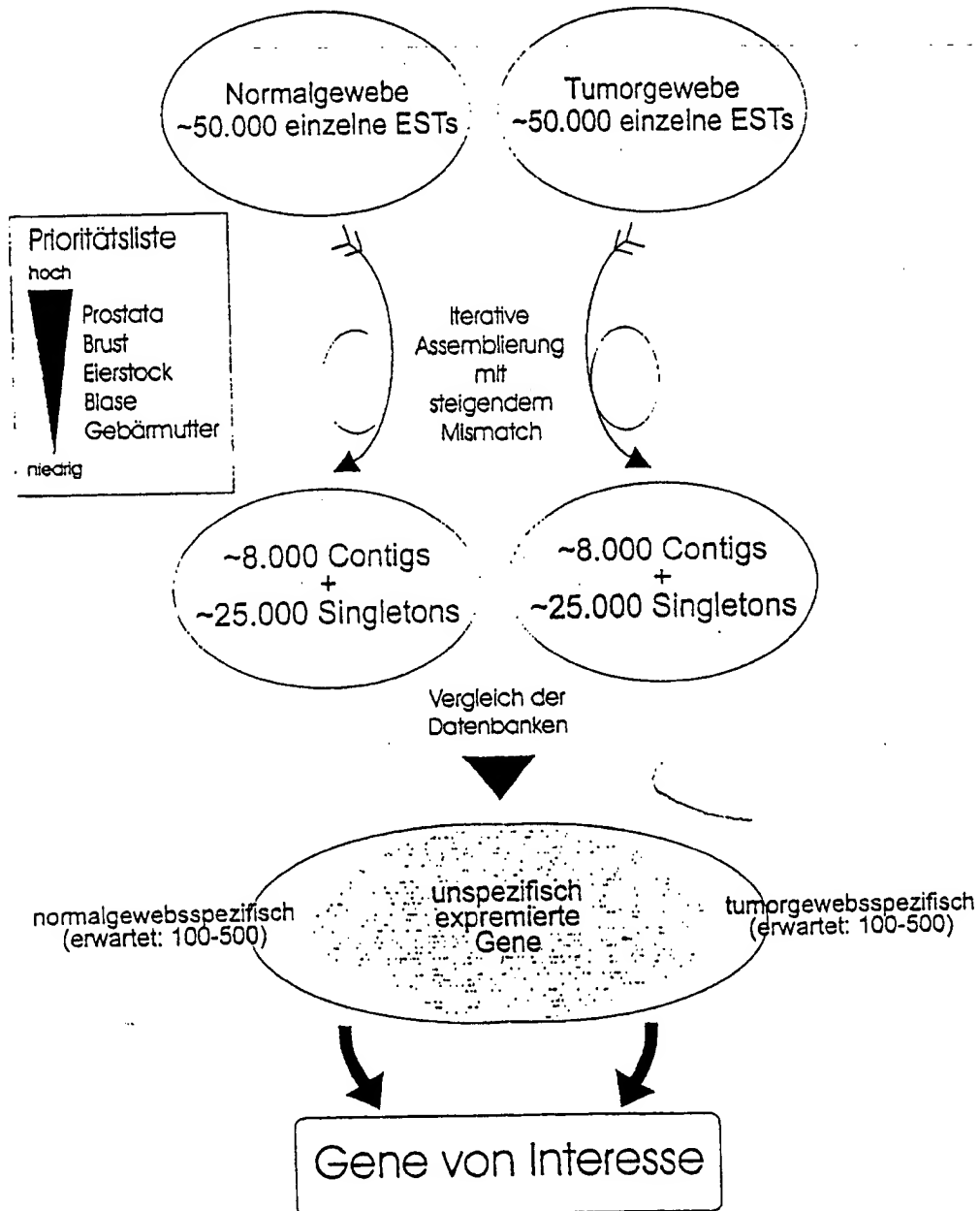


Fig. 1

Prinzip der EST-Assemblierung

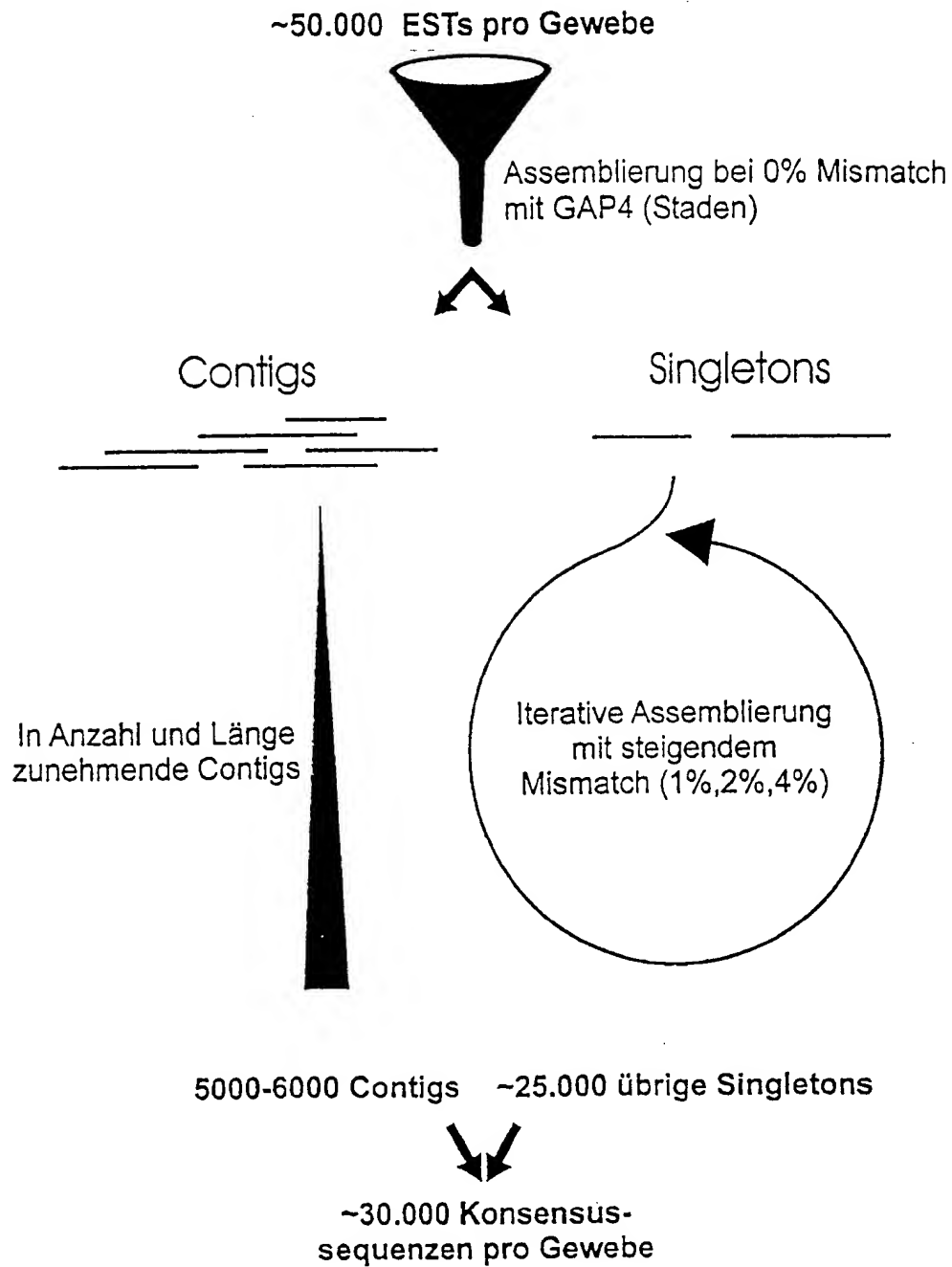


Fig. 2a

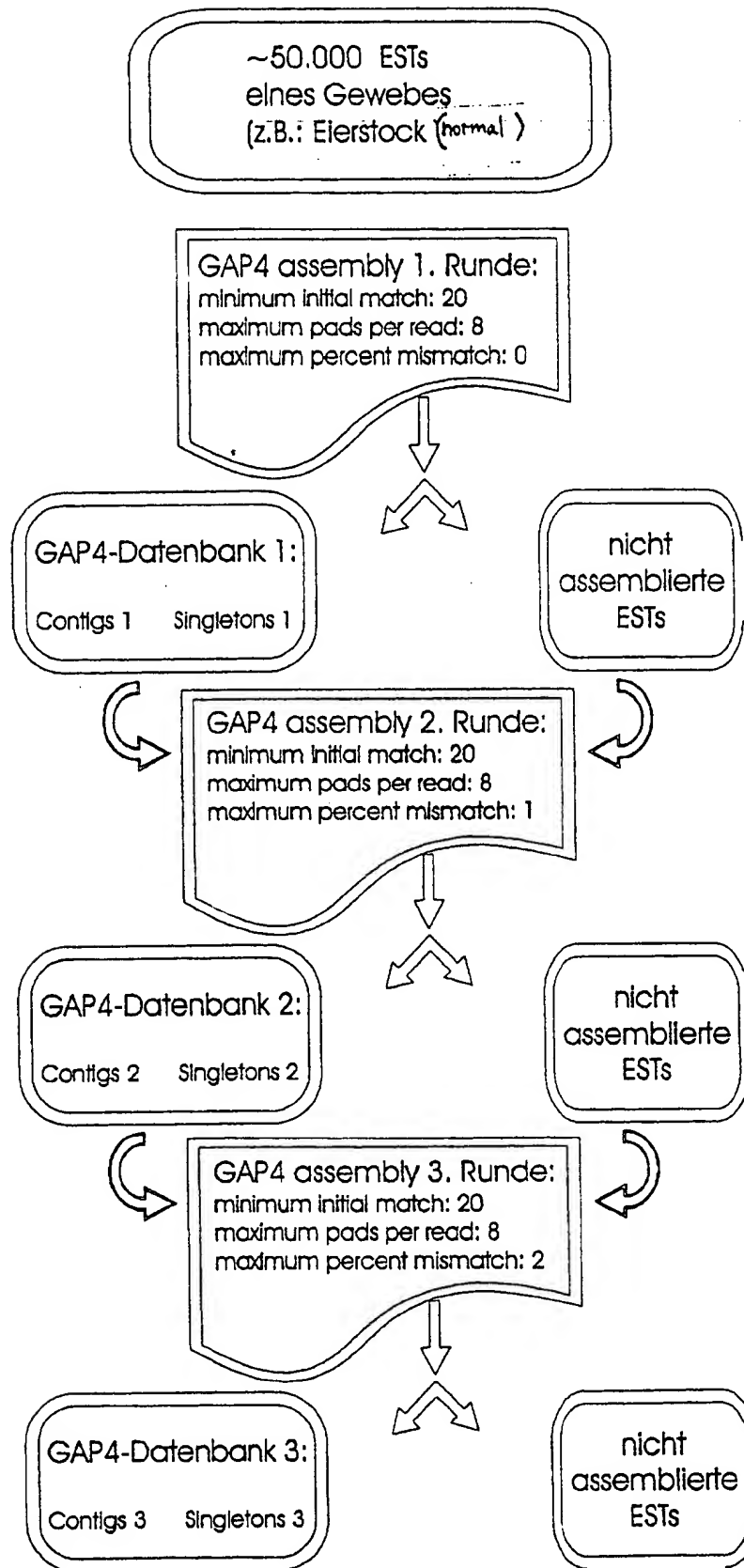


Fig. 2b1

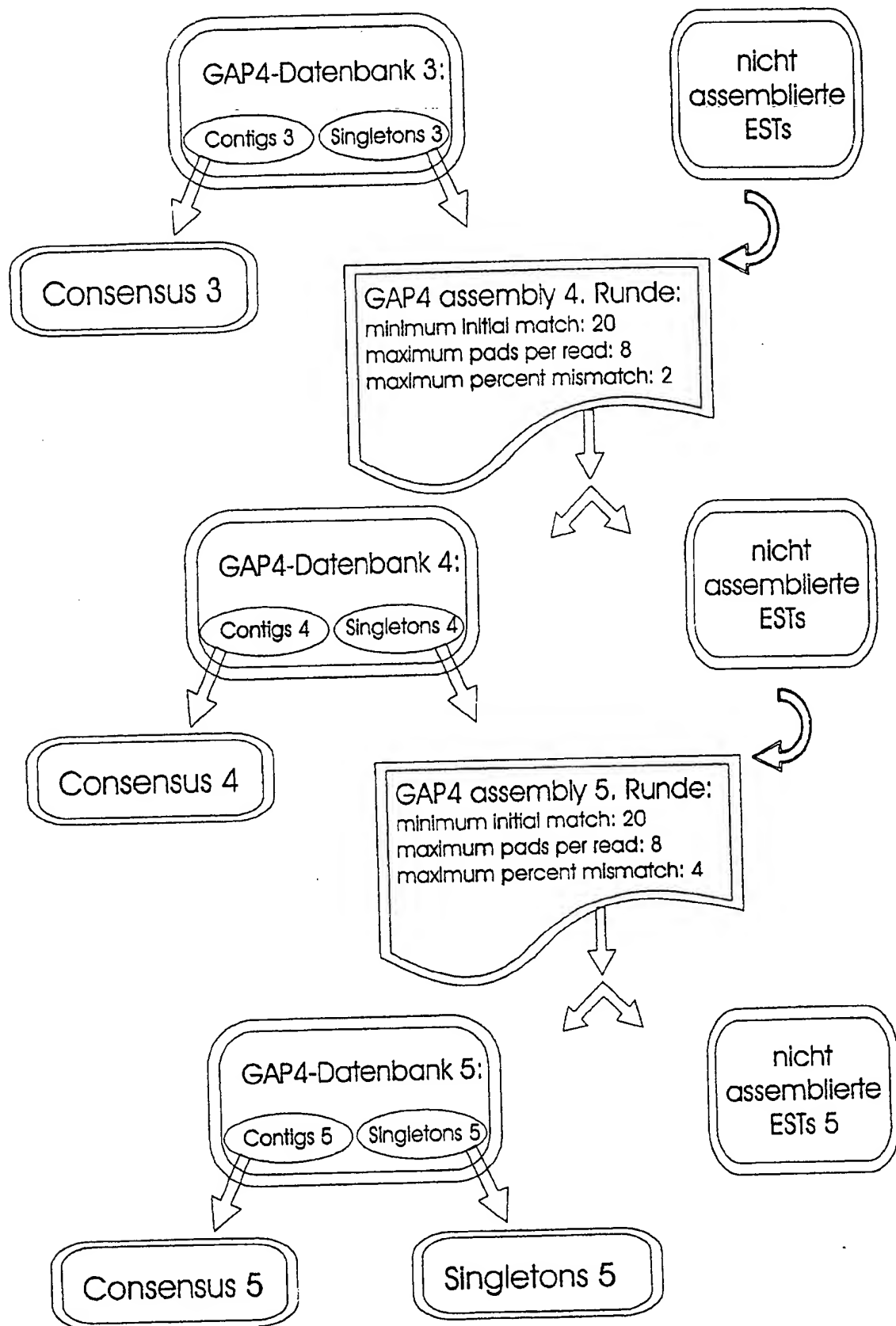


Fig. 2b2

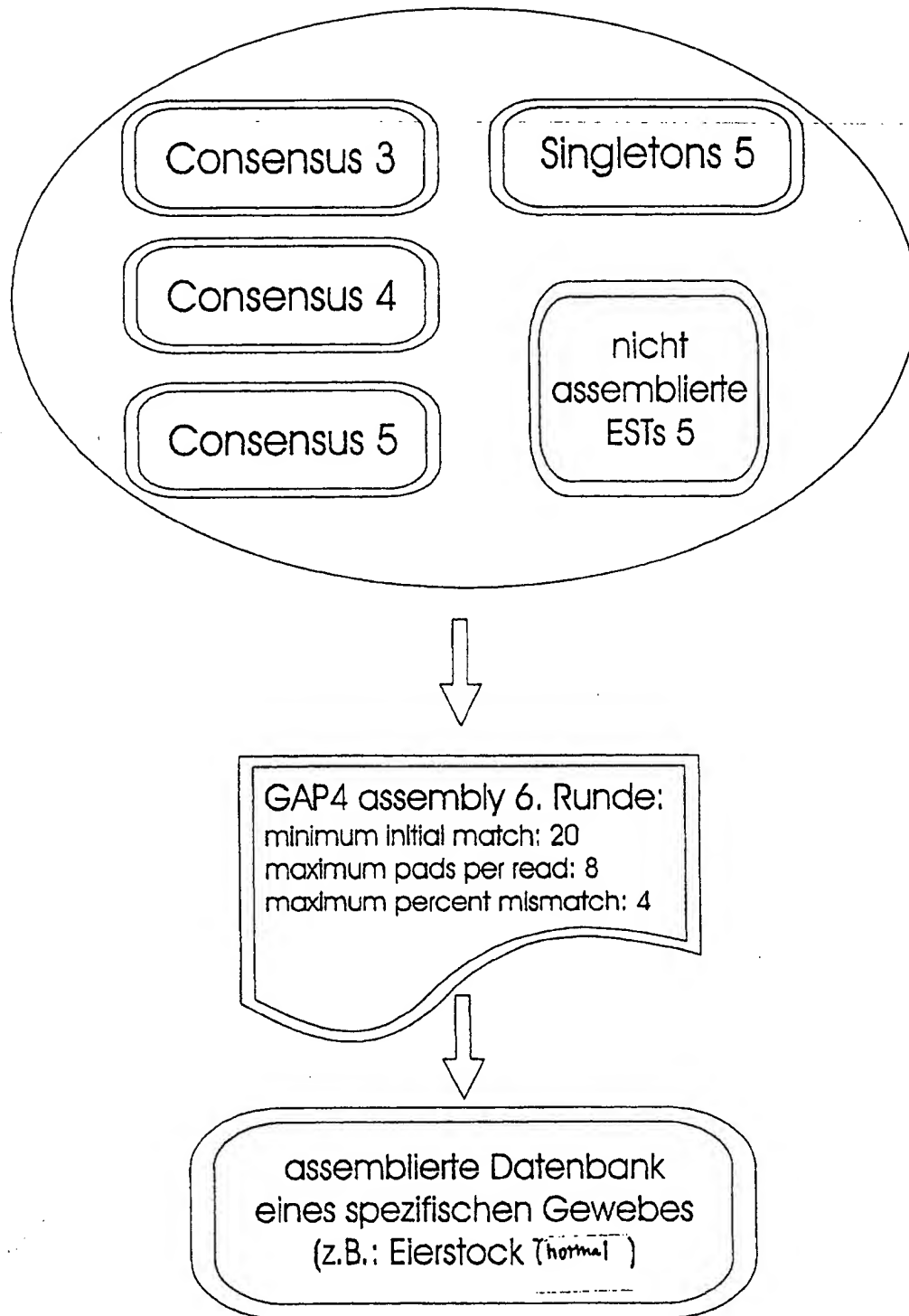


Fig. 2b3

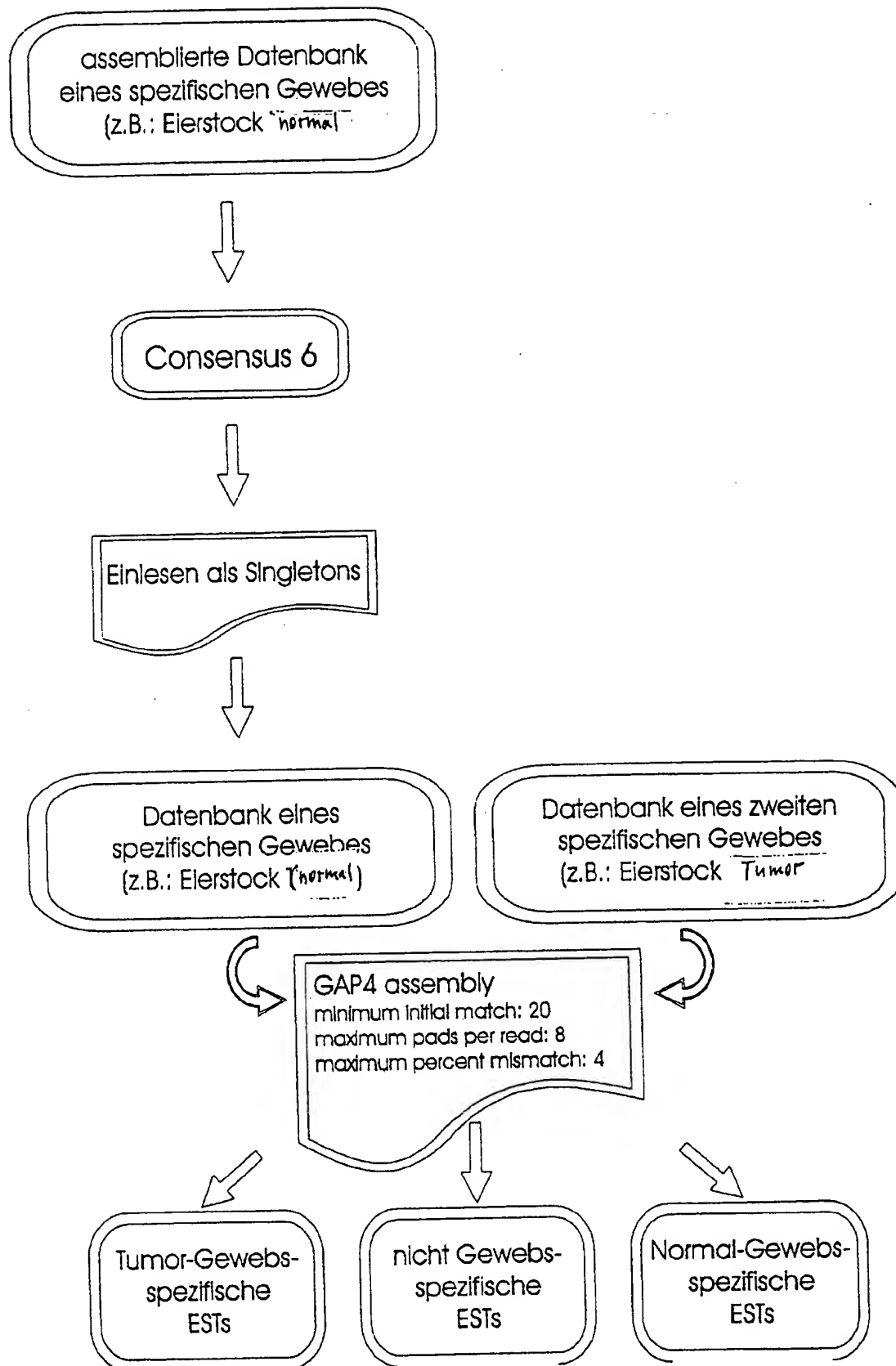


Fig. 2b4

In silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben

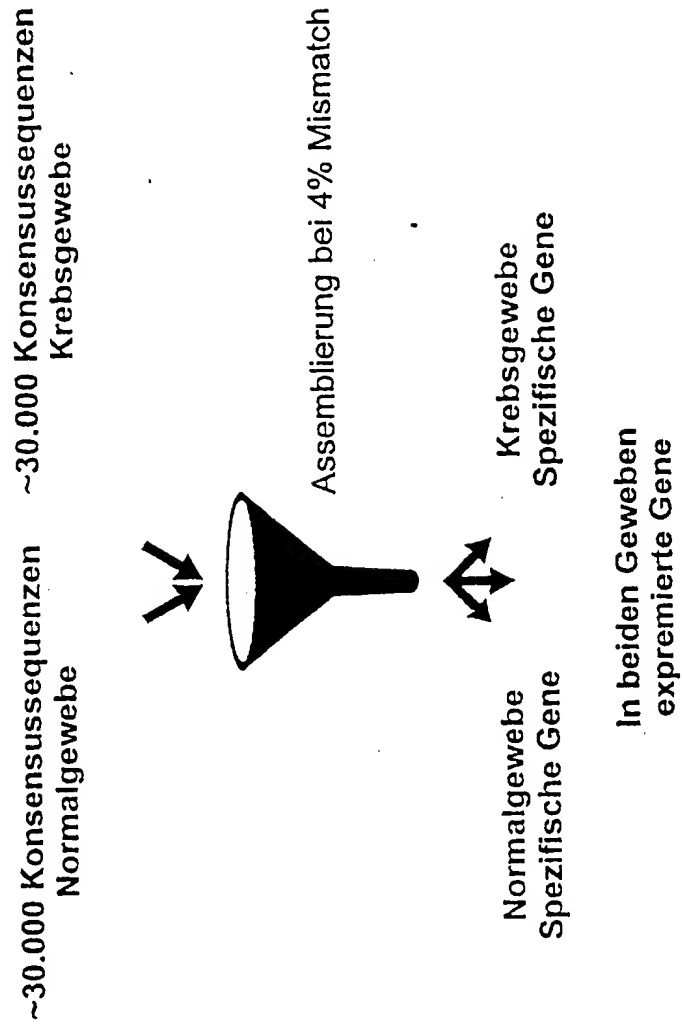


Fig. 3



Gene von Interesse



Bestimmung der
gewebsspezifischen
Expression über
elektronischen Northern
(INCYTE LifeSeq und
öffentliche EST
Datenbanken)



Kandidatengene für
Tumorsuppressoren oder
Tumoraktivatoren

Fig. 4a

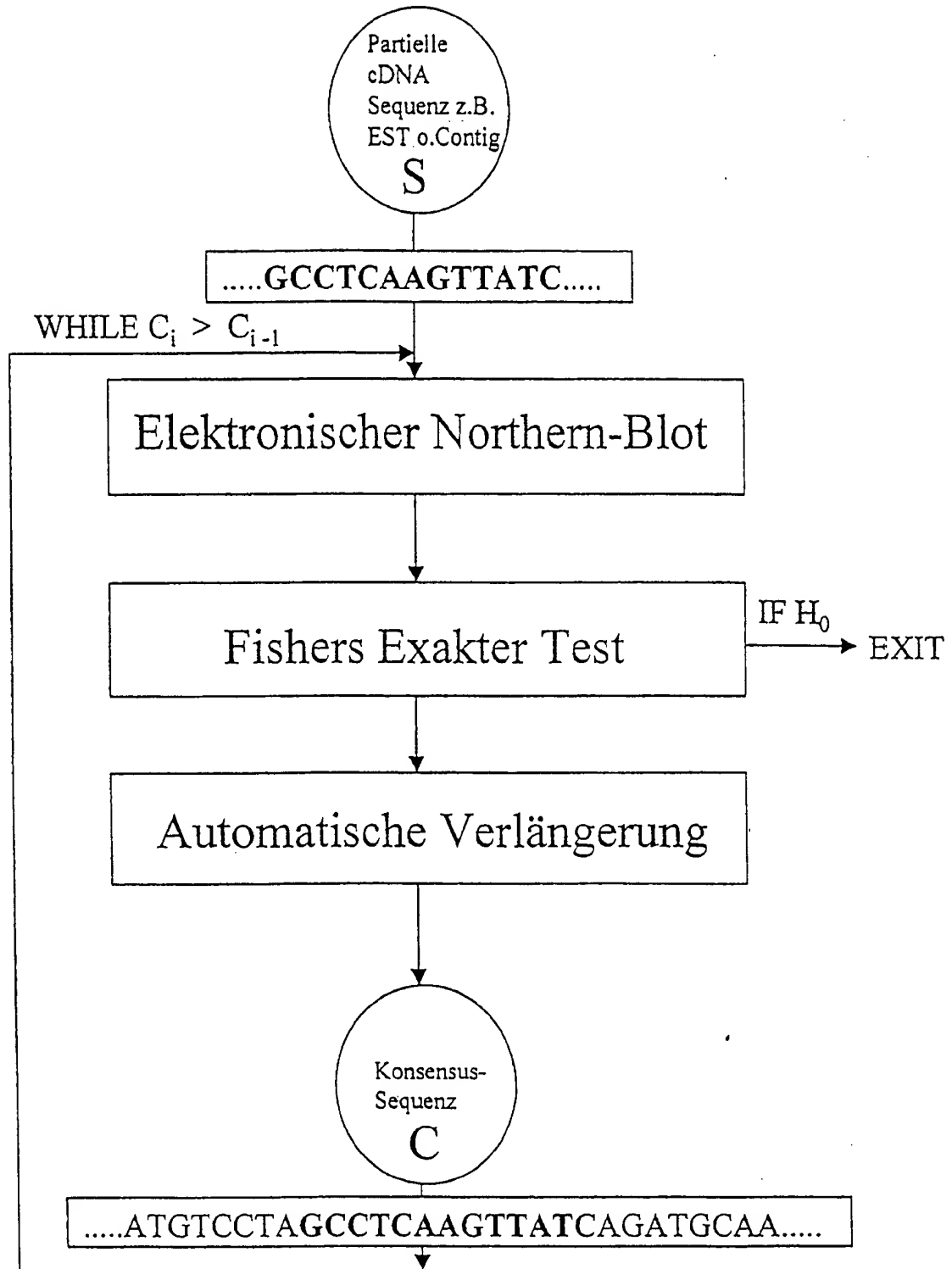


Fig. 4b

REÇU 2 8 JUIN 2000

Isolieren von genomischen BAC und PAC Klonen

Chromosomale Klon-Lokalisation über FISH



Hybridisierungssignal



Sequenzierung von Klonen, die in Regionen
lokalisiert sind, die chromosomale Deletionen
in Prostata- und Brustkrebs aufweisen,
führt zur Identifizierung von Kandidatengenen



Bestätigung der Kandidatengene durch
Screening von Mutationen und/oder
Deletionen in Krebsgeweben

Fig. 5